

⑯ BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENÄMT

⑯ Offenlegungsschrift
⑯ DE 198 17 946 A 1

⑯ Int. Cl. 6:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04

⑯ Aktenzeichen: 198 17 946.4
⑯ Anmeldetag: 17. 4. 98
⑯ Offenlegungstag: 21. 10. 99

⑯ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑯ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑯ Erfinder:
Rosenthal, Andre, Prof., Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑯ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterus-Normalgewebe
⑯ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen, mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 17 946 A 1

DE 198 17 946 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

5 Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

10 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

15 Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

20 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebsstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

25 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

30 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20.

35 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

40 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-20.

45 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-20 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

50 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1-20 hybridisieren.

55 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 1-20 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

60 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt,

DE 198 17 946 A 1

lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. 5
Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetische Information befindet, die exprimiert wird. 10

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 15

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, 20 gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID No. 63-117.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID No. 63-117 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 kodiert werden. 25

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Antikörper aus Phage-Displays zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID No. 63-117 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können. 30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 63-117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 63-117 enthalten. 35

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, 40 PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 45

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 50

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann. 55

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %. 65

Erklärung der Abbildungen

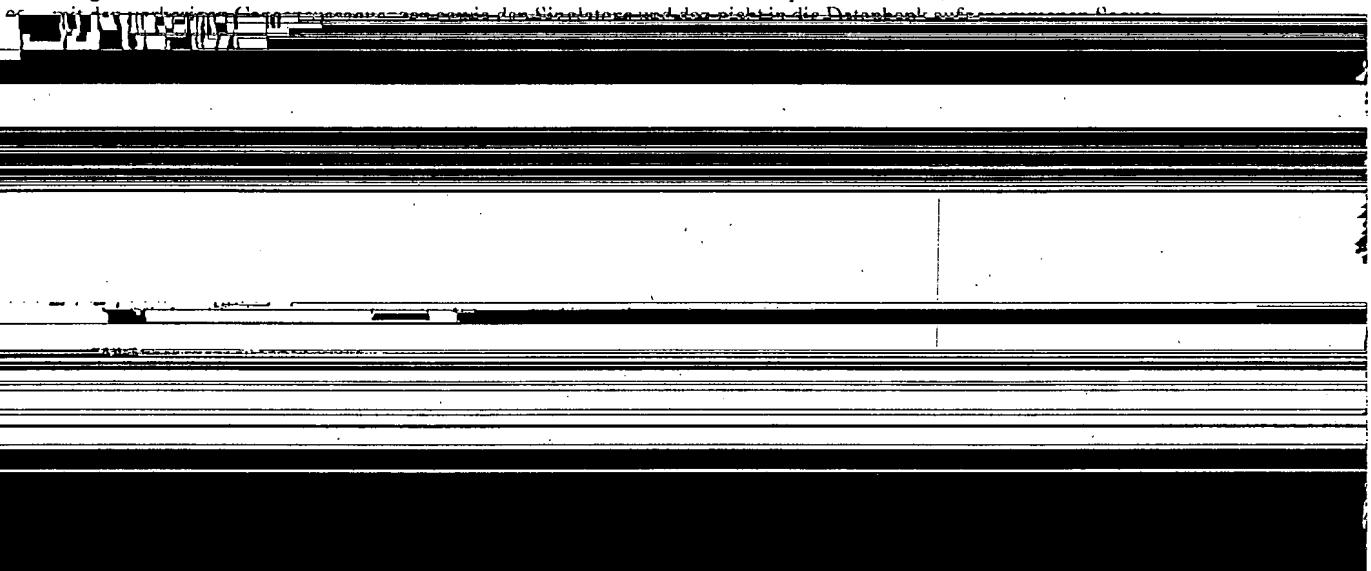
Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank,
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung,
5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung,
Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben,
Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern,
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern,
10 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Er-
findung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extra-
hiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per
read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen
20 (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs
der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons
der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Se-
quenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle
übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und
mit den Sequenzen der Singletons und den nicht in die Datenbank auf-



DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T | T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|----------------------|---------|----|
| Blase | 0.0078 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0078 | 1.1513 | 0.8686 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0021 | 0.0275 | 0.0771 | 12.9706 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0120 | 0.4283 | 2.3347 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0109 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.0068 | 6.7336 | 0.1485 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0204 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0028 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | |
| Placenta | 0.0061 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0272 | | | |
| Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0979 | | | 55 |
| Foetal | 0.0070 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | 60 |
| Nerven | 0.0050 | | | |
| Prostata | 0.0137 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0167 | | | 65 |

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

| | NORMAL #Haeufigkeit | TUMOR #Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-----------------------------|
| 5 | Blase 0.0156 | 0.0077 | 2.0339 0.4917 |
| | Brust 0.0128 | 0.0075 | 1.7013 0.5878 |
| | Duenndarm 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 undef |
| | Gastrointestinal 0.0134 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Gehirn 0.0059 | 0.0031 | 1.9199 0.5209 |
| | Haematopoetisch 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 15 | Herz 0.0265 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Lunge 0.0062 | 0.0020 | 3.0482 0.3281 |
| | Magen-Speiserhoehe 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Muskel-Skelett 0.0086 | 0.0060 | 1.4278 0.7004 |
| | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0221 | 0.0000 undef |
| | Penis 0.0180 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0131 | 0.0043 | 3.0709 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0457 | 0.0068 | 6.7336 0.1485 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0149 | | |
| | Samenblase 0.0534 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS #Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0139 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0036 |
| | Lunge 0.0072 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0062 |
| 45 | Placenta 0.0182 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN #Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0017 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0032 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0010 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0155 |
| | Uterus_n 0.0083 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 0.6555 | 5 |
| Brust | 0.0115 | 0.0094 | 1.2250 0.8164 | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0052 | 1.7269 0.5791 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0113 | 0.3273 3.0557 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0220 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0148 | 0.0275 | 0.5397 1.8529 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0125 | 0.0041 | 3.0482 0.3281 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0240 | 0.2142 4.6693 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0166 | 0.0000 undef | 20 |
| Penis | 0.0269 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0128 | 0.1706 5.8615 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0028 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0124 | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0000 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0041 | | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0083 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Duenndarm 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 0.8048 |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Lunge 0.0010 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0193 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Penis 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0109 | 0.0043 | 2.5591 0.3908 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Samenblase 0.0089 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T | T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|----------------------|--------|----|
| Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0125 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Duenndarm 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 0.8048 |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0010 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0193 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 20 | Niere 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Penis 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0109 | 0.0043 | 2.5591 0.3908 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_allgemein 0.0102 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Samenblase 0.0178 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

FOETUS

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0124 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0000 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0179 | 0.0000 undef |
| | Brust 0.0090 | 0.0075 | 1.1909 0.8397 |
| | Duenndarm 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0120 | 0.0130 | 0.9210 1.0858 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0136 | 0.0100 | 1.3585 0.7361 |
| | Gastrointestinal 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 1.2072 |
| | Gehirn 0.0089 | 0.0041 | 2.1599 0.4630 |
| | Haematopoetisch 0.0080 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0095 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 15 | Herz 0.0085 | 0.0275 | 0.3084 3.2426 |
| | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0093 | 0.0041 | 2.2862 0.4374 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 3.5020 |
| 20 | Niere 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 2.5219 |
| | Pankreas 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 3.3428 |
| | Penis 0.0150 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0087 | 0.0085 | 1.0236 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0089 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0043 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0072 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0185 |
| 45 | Placenta 0.0061 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0152 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0006 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| | Haut-Muskel 0.0065 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0110 |
| | Prostata 0.0205 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0128 | 2.1356 | 0.4682 | 5 |
| Brust | 0.0320 | 0.0188 | 1.7013 | 0.5878 | |
| Duenndarm | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0210 | 0.0078 | 2.6863 | 0.3723 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0100 | 1.1887 | 0.8413 | |
| Gastrointestinal | 0.0287 | 0.0046 | 6.2125 | 0.1610 | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0082 | 0.4500 | 2.2223 | |
| Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0379 | 0.2117 | 4.7230 | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0148 | 0.0137 | 1.0794 | 0.9265 | 15 |
| Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 | |
| Lunge | 0.0135 | 0.0102 | 1.3209 | 0.7571 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0230 | 0.4202 | 2.3799 | |
| Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0120 | 0.8567 | 1.1673 | |
| Niere | 0.0271 | 0.0205 | 1.3217 | 0.7566 | |
| Pankreas | 0.0099 | 0.0497 | 0.1994 | 5.0142 | 20 |
| Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0218 | 0.0234 | 0.9306 | 1.0746 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0686 | 0.0204 | 3.3668 | 0.2970 | |
| Uterus_allgemein | 0.0306 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0250 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | | |
| Lunge | 0.0434 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0247 | | | |
| Placenta | 0.0303 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
|-------------------|-------------------------------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0884 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0557 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0157 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0366 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0328 | | | |
| Nerven | 0.0080 | | | |
| Prostata | 0.0137 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0125 | | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0117 | 0.0102 | 1.1441 0.8741 |
| | Brust 0.0115 | 0.0169 | 0.6805 1.4694 |
| | Duenndarm 0.0123 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0090 | 0.0026 | 3.4538 0.2895 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0085 | 0.0050 | 1.6981 0.5889 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0019 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Gehirn 0.0052 | 0.0113 | 0.4582 2.1827 |
| | Haematopoetisch 0.0040 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0048 | 0.0194 | 0.2451 4.0800 |
| | Herz 0.0011 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 15 | Hoden 0.0115 | 0.0351 | 0.3280 3.0489 |
| | Lunge 0.0042 | 0.0123 | 0.3387 2.9526 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Niere 0.0054 | 0.0205 | 0.2643 3.7829 |
| 20 | Pankreas 0.0050 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Penis 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0109 | 0.0064 | 1.7060 0.5862 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0306 | 0.0954 | 0.3202 3.1226 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0026 | | |
| | Zervix 0.0106 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0056 |
| | Gehirn 0.0063 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0036 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0121 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0245 |
| | Foetal 0.0111 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0114 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0231 |
| 60 | Lunge 0.0410 |
| | Nerven 0.0050 |
| | Prostata 0.0205 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0125 |

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 undef | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0125 | 0.5434 1.8403 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 undef | 10 |
| Gehirn | 0.0067 | 0.0082 | 0.8100 1.2346 | |
| Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0330 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0137 | 0.0000 undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 5.9051 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 0.9769 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 18.7357 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0139 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0028 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0061 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0136 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0203 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | |
| Foetal | 0.0041 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | | |
| Hoden | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0082 | | 60 |
| Nerven | 0.0030 | | |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0083 | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-----------------------------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Duenndarm 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0119 | 0.0025 | 4.7547 0.2103 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 undef |
| | Gehirn 0.0044 | 0.0010 | 4.3198 0.2315 |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 15 | Herz 0.0032 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Lunge 0.0052 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Niere 0.0136 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Penis 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0017 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0246 |
| | Nerven 0.0070 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0042 |
| 65 | |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T | T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|----------------------|--------|----|
| Blase | 0.0078 | 0.0051 | 1.5254 | 0.6555 | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0094 | 0.5444 | 1.8368 | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0052 | 2.3025 | 0.4343 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0044 | 0.0031 | 1.4399 | 0.6945 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0104 | 0.0020 | 5.0803 | 0.1968 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0124 | | | | |
| Placenta | 0.0121 | | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | | |
|-------------------|---|--|--|--|----|
| Brust | 0.0136 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0070 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0020 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0117 | 0.0077 | 1.5254 0.6555 |
| | Brust 0.0077 | 0.0075 | 1.0208 0.9796 |
| | Duenndarm 0.0123 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 0.4907 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0019 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Gehirn 0.0044 | 0.0041 | 1.0799 0.9260 |
| | Haematopoetisch 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 1.3600 |
| | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 15 | Hoden 0.0115 | 0.0234 | 0.4920 2.0326 |
| | Lunge 0.0031 | 0.0082 | 0.3810 2.6245 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Niere 0.0054 | 0.0205 | 0.2643 3.7829 |
| 20 | Pankreas 0.0050 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Penis 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0109 | 0.0064 | 1.7060 0.5862 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0153 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0017 | | |
| | Zervix 0.0106 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0245 |
| | Foetal 0.0041 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0077 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0010 |
| | Prostata 0.0068 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0019 | 2.7221 0.3674 | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 undef | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0032 | 0.0275 | 0.1156 8.6471 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 0.9842 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0120 | 0.1428 7.0040 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0000 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0000 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0017 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0000 | | 60 |
| Nerven | 0.0000 | | |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0128 | 0.0000 undef |
| | Brust 0.0102 | 0.0094 | 1.0888 0.9184 |
| | Duenndarm 0.0153 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0090 | 0.0052 | 1.7269 0.5791 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0153 | 0.0201 | 0.7642 1.3086 |
| | Gastrointestinal 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 0.8048 |
| | Gehirn 0.0103 | 0.0144 | 0.7200 1.3890 |
| | Haematopoetisch 0.0134 | 0.0379 | 0.3529 2.8338 |
| | Haut 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef |
| | Herz 0.0053 | 0.0137 | 0.3855 2.5941 |
| 15 | Hoden 0.0115 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0166 | 0.0123 | 1.3548 0.7381 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Muskel-Skelett 0.0154 | 0.0120 | 1.2850 0.7782 |
| | Niere 0.0136 | 0.0068 | 1.9826 0.5044 |
| 20 | Pankreas 0.0083 | 0.0166 | 0.4986 2.0057 |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Prostata 0.0196 | 0.0234 | 0.8375 1.1940 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0064 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0089 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0118 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0069 | | |
| | Zervix 0.0106 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0083 |
| | Gehirn 0.0125 |
| | Haematopoetisch 0.0157 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0036 |
| | Lunge 0.0072 |
| | Nebenniere 0.0254 |
| | Niere 0.0062 |
| 45 | Placenta 0.0242 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0136 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0456 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0140 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| | Haut-Muskel 0.0259 |
| | Hoden 0.0154 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0040 |
| | Prostata 0.0068 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0083 |

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0000 | 0.0102 | 0.0000 undef | 5 |
| Brust | 0.0102 | 0.0150 | 0.6805 1.4694 | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0026 | 2.3025 0.4343 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0059 | 0.0092 | 0.6400 1.5626 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0021 | 0.0137 | 0.1542 6.4853 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| Lunge | 0.0021 | 0.0061 | 0.3387 2.9526 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0428 | 0.0060 | 7.1388 0.1401 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 6.6857 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | |
| Lunge | 0.0072 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0182 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0000 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0023 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0246 | | 60 |
| Nerven | 0.0090 | | |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 0.6555 |
| | Brust 0.0026 | 0.0056 | 0.4537 2.2042 |
| | Duenndarm 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Eierstock 0.0120 | 0.0052 | 2.3025 0.4343 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0136 | 0.0050 | 2.7170 0.3681 |
| | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Gehirn 0.0067 | 0.0072 | 0.9257 1.0803 |
| | Haematopoetisch 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Herz 0.0032 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 15 | Hoden 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 2.0326 |
| | Lunge 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 0.9842 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0193 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 undef |
| | Niere 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 1.2610 |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Penis 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0131 | 0.0085 | 1.5354 0.6513 |
| | Uterus_Endometrium 0.0203 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0102 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0096 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Samenblase 0.0178 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0063 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0245 |
| | Foetal 0.0076 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0154 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0050 |
| | Prostata 0.0068 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0208 |

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0546 | 0.0281 | 1.9415 0.5151 | 5 |
| Brust | 0.0397 | 0.0169 | 2.3440 0.4266 | |
| Duenndarm | 0.0399 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0599 | 0.0312 | 1.9188 0.5212 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0477 | 0.0226 | 2.1132 0.4732 | |
| Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0416 | 0.3221 3.1043 | 10 |
| Gehirn | 0.0163 | 0.0205 | 0.7920 1.2627 | |
| Haematopoetisch | 0.0361 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0330 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0518 | 0.0000 undef | |
| Herz | 0.0159 | 0.0412 | 0.3855 2.5941 | |
| Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 0.6775 | 15 |
| Lunge | 0.0114 | 0.0225 | 0.5080 1.9684 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0307 | 0.3151 3.1733 | |
| Muskel_Skelett | 0.0137 | 0.0360 | 0.3807 2.6265 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 2.5219 | |
| Pankreas | 0.0149 | 0.0497 | 0.2991 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0449 | 0.0800 | 0.5616 1.7807 | |
| Prostata | 0.0305 | 0.0405 | 0.7543 1.3258 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0915 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0480 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0446 | | | |
| Samenblase | 0.0801 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0286 | | | 30 |
| Zervix | 0.0532 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0639 | | | |
| Gehirn | 0.0250 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0472 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0071 | | | |
| Lunge | 0.0253 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0556 | | | |
| Placenta | 0.0061 | | | 45 |
| Prostata | 0.0249 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0068 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0557 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| Foetal | 0.0198 | | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| Haematopoetisch | 0.1253 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0745 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0082 | | | |
| Nerven | 0.0040 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| Uterus_n | 0.0291 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T | T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|----------------------|--------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0030 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| | Zervix 0.0106 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0061 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0167 |
| 65 | |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0624 | 0.0204 | 3.0509 0.3278 | 5 |
| Brust | 0.0077 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Duenndarm | 0.0307 | 0.0165 | 1.8537 0.5395 | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0026 | 4.6050 0.2172 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | 0.0536 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0030 | 0.0041 | 0.7200 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 0.3400 | |
| Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0230 | 1.2605 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.1198 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0479 | 0.0277 | 1.7323 0.5773 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0991 | 0.0272 | 3.6474 0.2742 | |
| Uterus_allgemein | 0.0509 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0446 | | | |
| Samenblase | 0.0267 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0139 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0118 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0071 | | |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0000 | | 45 |
| Prostata | 0.0499 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0204 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.1595 | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0064 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0488 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | | |
| Hoden | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0000 | | 60 |
| Nerven | 0.0060 | | |
| Prostata | 0.0342 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0500 | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-----------------------------|
| 5 | Blase 0.0078 | 0.0102 | 0.7627 1.3111 |
| | Brust 0.0166 | 0.0376 | 0.4423 2.2607 |
| | Duenndarm 0.0399 | 0.0331 | 1.2049 0.8299 |
| | Eierstock 0.0270 | 0.0546 | 0.4934 2.0268 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0341 | 0.0075 | 4.5283 0.2208 |
| | Gastrointestinal 0.0441 | 0.0278 | 1.5877 0.6299 |
| | Gehirn 0.0140 | 0.0288 | 0.4885 2.0469 |
| | Haematopoetisch 0.0361 | 0.0758 | 0.4764 2.0991 |
| | Haut 0.0404 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0048 | 0.0194 | 0.2451 4.0800 |
| | Herz 0.0244 | 0.1375 | 0.1773 5.6394 |
| 15 | Hoden 0.0230 | 0.0234 | 0.9839 1.0163 |
| | Lunge 0.0447 | 0.0470 | 0.9498 1.0528 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0097 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0274 | 0.0300 | 0.9138 1.0944 |
| | Niere 0.0516 | 0.0342 | 1.5068 0.6637 |
| 20 | Pankreas 0.0215 | 0.0221 | 0.9722 1.0286 |
| | Penis 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0458 | 0.0277 | 1.6535 0.6048 |
| | Uterus_Endometrium 0.0608 | 0.2111 | 0.2881 3.4714 |
| | Uterus_Myometrium 0.0457 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0153 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0128 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0595 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0353 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.1006 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0417 |
| | Gastrointestinal 0.0222 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0157 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0036 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0062 |
| 45 | Placenta 0.0545 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0151 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0194 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0060 |
| | Prostata 0.0068 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0078 | 0.0128 | 0.6102 1.6389 | 5 |
| Brust | 0.0179 | 0.0150 | 1.1909 0.8397 | |
| Duenndarm | 0.0215 | 0.0165 | 1.2976 0.7707 | |
| Eierstock | 0.0419 | 0.0208 | 2.0147 0.4964 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0075 | 1.5849 0.6309 | |
| Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0370 | 0.4142 2.4145 | 10 |
| Gehirn | 0.0067 | 0.0236 | 0.2817 3.5496 | |
| Haematopoetisch | 0.0361 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0220 | 0.1695 | 0.1300 7.6946 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Herz | 0.0244 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0468 | 0.1230 8.1305 | 15 |
| Lunge | 0.0145 | 0.0143 | 1.0161 0.9842 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 1.5866 | |
| Muskel-Skelett | 0.0206 | 0.0120 | 1.7133 0.5837 | |
| Niere | 0.0190 | 0.0068 | 2.7756 0.3603 | |
| Pankreas | 0.0149 | 0.0387 | 0.3846 2.6000 | 20 |
| Penis | 0.0269 | 0.0267 | 1.0108 0.9893 | |
| Prostata | 0.0392 | 0.0490 | 0.8011 1.2483 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0534 | 0.0068 | 7.8559 0.1273 | |
| Uterus_allgemein | 0.0611 | 0.0954 | 0.6405 1.5613 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0238 | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0251 | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0557 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0305 | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0354 | | | |
| Haut | 0.5025 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0285 | | | |
| Lunge | 0.0181 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0371 | | | |
| Placenta | 0.0242 | | | 45 |
| Prostata | 0.0249 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0272 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0099 | | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0082 | | | 60 |
| Nerven | 0.0020 | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0234 | 0.0153 | 1.5254 0.6555 |
| | Brust 0.0166 | 0.0395 | 0.4213 2.3737 |
| | Duenndarm 0.0123 | 0.0331 | 0.3707 2.6973 |
| | Eierstock 0.0329 | 0.0260 | 1.2664 0.7897 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0238 | 0.0050 | 4.7547 0.2103 |
| | Gastrointestinal 0.0153 | 0.0185 | 0.8283 1.2072 |
| | Gehirn 0.0081 | 0.0144 | 0.5657 1.7678 |
| | Haematopoetisch 0.0134 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0184 | 0.0847 | 0.2166 4.6168 |
| | Hepatisch 0.0476 | 0.0065 | 7.3530 0.1360 |
| 15 | Herz 0.0148 | 0.0687 | 0.2159 4.6324 |
| | Hoden 0.0575 | 0.0234 | 2.4599 0.4065 |
| | Lunge 0.0270 | 0.0041 | 6.6045 0.1514 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0483 | 0.0307 | 1.5757 0.6347 |
| | Muskel-Skelett 0.0051 | 0.0240 | 0.2142 4.6693 |
| | Niere 0.0217 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 3.3428 |
| | Penis 0.0120 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0065 | 0.0064 | 1.0236 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0306 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0064 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0706 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0269 | | |
| | Zervix 0.0319 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0111 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0079 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0107 |
| | Lunge 0.0181 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0124 |
| 45 | Placenta 0.0364 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.1595 |
| | Eierstock_t 0.0911 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0122 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0065 |
| | Hoden 0.0231 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0060 |
| | Prostata 0.0068 |
| | Sinnesorgane 0.0077 |
| | Uterus_n 0.0125 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0039 | 0.0153 | 0.2542 3.9333 | 5 |
| Brust | 0.0115 | 0.0169 | 0.6805 1.4694 | |
| Duenndarm | 0.0153 | 0.0165 | 0.9268 1.0789 | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0078 | 1.5350 0.6515 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0102 | 0.0276 | 0.3705 2.6991 | |
| Gastrointestinal | 0.0249 | 0.0093 | 2.6921 0.3715 | 10 |
| Gehirn | 0.0111 | 0.0082 | 1.3499 0.7408 | |
| Haematopoetisch | 0.0214 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0190 | 0.0129 | 1.4706 0.6800 | |
| Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0403 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Lunge | 0.0104 | 0.0123 | 0.8467 1.1810 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0120 | 0.4283 2.3347 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 0.8406 | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0221 | 0.1496 6.6857 | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0533 | 0.1123 8.9035 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0192 | 0.2275 4.3961 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0357 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0650 | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0222 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | |
| Lunge | 0.0108 | | |
| Nebenniere | 0.1014 | | |
| Niere | 0.0494 | | |
| Placenta | 0.0121 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0544 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0280 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0488 | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | |
| Haut-Muskel | 0.0389 | | |
| Hoden | 0.0077 | | 60 |
| Lunge | 0.0082 | | |
| Nerven | 0.0151 | | |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0250 | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0128 | 0.0000 undef |
| | Brust 0.0217 | 0.0094 | 2.3138 0.4322 |
| | Duenndarm 0.0092 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0120 | 0.0026 | 4.6050 0.2172 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0068 | 0.0100 | 0.6792 1.4722 |
| | Gastrointestinal 0.0172 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Gehirn 0.0111 | 0.0082 | 1.3499 0.7408 |
| | Haematopoetisch 0.0107 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 0.6800 |
| 15 | Herz 0.0032 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 undef |
| | Lunge 0.0312 | 0.0123 | 2.5402 0.3937 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0171 | 0.0060 | 2.8555 0.3502 |
| | Niere 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 2.5219 |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0221 | 0.1496 6.6857 |
| | Penis 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0131 | 0.0106 | 1.2284 0.8141 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0102 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0096 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0030 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0118 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0139 | | |
| | Zervix 0.0106 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0056 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0079 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0108 |
| | Nebenniere 0.0507 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0061 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0612 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0152 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0087 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0065 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0020 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0585 | 0.0613 | 0.9534 1.0489 | 5 |
| Brust | 0.0307 | 0.0789 | 0.3889 2.5715 | |
| Duenndarm | 0.0399 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0479 | 0.0364 | 1.3157 0.7600 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0528 | 0.0627 | 0.8423 1.1873 | |
| Gastrointestinal | 0.0326 | 0.0509 | 0.6401 1.5623 | 10 |
| Gehirn | 0.0407 | 0.0575 | 0.7071 1.4142 | |
| Haematopoetisch | 0.0535 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0333 | 0.0518 | 0.6434 1.5543 | |
| Herz | 0.0477 | 0.0825 | 0.5782 1.7294 | 15 |
| Hoden | 0.0518 | 0.0585 | 0.8856 1.1292 | |
| Lunge | 0.0602 | 0.0368 | 1.6370 0.6109 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0387 | 0.0613 | 0.6303 1.5866 | |
| Muskel-Skelett | 0.0325 | 0.0240 | 1.3564 0.7373 | |
| Niere | 0.0299 | 0.0479 | 0.6231 1.6049 | 20 |
| Pankreas | 0.0182 | 0.0442 | 0.4113 2.4312 | |
| Penis | 0.0240 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0436 | 0.0660 | 0.6604 1.5142 | |
| Uterus_Endometrium | 0.1284 | 0.7916 | 0.1622 6.1662 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0915 | 0.0340 | 2.6934 0.3713 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0611 | 0.0954 | 0.6405 1.5613 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0416 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0535 | | | |
| Samenblase | 0.0445 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0286 | | | |
| Zervix | 0.0319 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0417 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0611 | | |
| Gehirn | 0.0688 | | |
| Haematopoetisch | 0.0551 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0260 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0107 | | |
| Lunge | 0.0289 | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | |
| Niere | 0.0556 | | |
| Placenta | 0.1272 | | 45 |
| Prostata | 0.0748 | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | |
| | | | |
| | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0612 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0354 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0786 | | |
| Gastrointestinal | 0.0732 | | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | |
| Haut-Muskel | 0.0778 | | |
| Hoden | 0.1080 | | |
| Lunge | 0.0164 | | |
| Nerven | 0.0402 | | 60 |
| Prostata | 0.0137 | | |
| Sinnesorgane | 0.0387 | | |
| Uterus_n | 0.0458 | | |
| | | | |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.1560 | 0.0460 | 3.3899 0.2950 |
| | Brust 0.1113 | 0.0414 | 2.6912 0.3716 |
| | Duenndarm 0.0491 | 0.0165 | 2.9659 0.3372 |
| | Eierstock 0.0629 | 0.0416 | 1.5110 0.6618 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0341 | 0.0527 | 0.6469 1.5458 |
| | Gastrointestinal 0.0824 | 0.0139 | 5.9364 0.1685 |
| | Gehirn 0.0140 | 0.0585 | 0.2400 4.1669 |
| | Haematopoetisch 0.0174 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.1689 | 0.0847 | 1.9927 0.5018 |
| | Hepatisch 0.0904 | 0.0259 | 3.4927 0.2863 |
| | Herz 0.0233 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 15 | Hoden 0.0288 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0592 | 0.0286 | 2.0684 0.4835 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0097 | 0.0307 | 0.3151 3.1733 |
| | Muskel-Skelett 0.0891 | 0.1080 | 0.8249 1.2122 |
| | Niere 0.0407 | 0.0137 | 2.9739 0.3363 |
| 20 | Pankreas 0.0248 | 0.0166 | 1.4957 0.6686 |
| | Penis 0.0629 | 0.0267 | 2.3586 0.4240 |
| | Prostata 0.1700 | 0.0873 | 1.9474 0.5135 |
| | Uterus_Endometrium 0.0203 | 0.0528 | 0.3841 2.6035 |
| | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0357 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0639 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.1040 | | |
| | Samenblase 0.0623 | | |
| | Sinnesorgane 0.1059 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.2150 | | |
| | Zervix 0.2555 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointestinal 0.0139 |
| | Gehirn 0.0063 |
| | Haematopoetisch 0.0118 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0036 |
| | Lunge 0.0361 |
| | Nebenniere 0.0507 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0424 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0377 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0408 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0608 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0245 |
| | Foetal 0.0070 |
| | Gastrointestinal 0.0488 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| | Haut-Muskel 0.0065 |
| | Hoden 0.0154 |
| 60 | Lunge 0.0082 |
| | Nerven 0.0181 |
| | Prostata 0.0274 |
| | Sinnesorgane 0.0774 |
| | Uterus_n 0.0125 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T | T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|----------------------|---------|----|
| Blase | 0.0741 | 0.0665 | 1.1147 | 0.8971 | 5 |
| Brust | 0.0384 | 0.0376 | 1.0208 | 0.9796 | |
| Duenndarm | 0.0307 | 0.0662 | 0.4634 | 2.1579 | |
| Eierstock | 0.0389 | 0.0182 | 2.1380 | 0.4677 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0715 | 0.0978 | 0.7315 | 1.3671 | |
| Gastrointestinal | 0.0268 | 0.0139 | 1.9328 | 0.5174 | 10 |
| Gehirn | 0.1878 | 0.2331 | 0.8056 | 1.2413 | |
| Haematopoetisch | 0.0241 | 0.0379 | 0.6352 | 1.5743 | |
| Haut | 0.0220 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0761 | 0.0776 | 0.9804 | 1.0200 | |
| Herz | 0.0212 | 0.2474 | 0.0857 | 11.6735 | 15 |
| Hoden | 0.1496 | 0.0351 | 4.2638 | 0.2345 | |
| Lunge | 0.0229 | 0.0204 | 1.1177 | 0.8947 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0387 | 0.0230 | 1.6807 | 0.5950 | |
| Muskel-Skelett | 0.1370 | 0.0600 | 2.2844 | 0.4378 | |
| Niere | 0.0299 | 0.0274 | 1.0904 | 0.9171 | 20 |
| Pankreas | 0.0297 | 0.0166 | 1.7949 | 0.5571 | |
| Penis | 0.0569 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0588 | 0.0447 | 1.3161 | 0.7598 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.1525 | 0.0204 | 7.4818 | 0.1337 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0407 | 0.1908 | 0.2135 | 4.6839 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0268 | | | | |
| Samenblase | 0.2314 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0706 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | | |
| Zervix | 0.0745 | | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0278 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0417 | | | |
| Gehirn | 0.0313 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0260 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0071 | | | |
| Lunge | 0.0181 | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | |
| Niere | 0.0371 | | | |
| Placenta | 0.0182 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0816 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.2025 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0979 | | | |
| Foetal | 0.0361 | | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| Hoden | 0.0154 | | | |
| Lunge | 0.0082 | | | 60 |
| Nerven | 0.0653 | | | |
| Prostata | 0.0137 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0542 | | | |
| Uterus_n | 0.0208 | | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0273 | 0.0537 | 0.5085 1.9666 |
| | Brust 0.0256 | 0.0376 | 0.6805 1.4694 |
| | Duenndarm 0.0337 | 0.0496 | 0.6797 1.4713 |
| | Eierstock 0.0180 | 0.0208 | 0.8634 1.1582 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0221 | 0.0276 | 0.8027 1.2457 |
| | Gastrointestinal 0.0230 | 0.0139 | 1.6567 0.6036 |
| | Gehirn 0.0214 | 0.0349 | 0.6141 1.6284 |
| | Haematopoetisch 0.0374 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0184 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0453 | 0.0000 undef |
| | Herz 0.0477 | 0.0412 | 1.1565 0.8647 |
| 15 | Hoden 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 0.6775 |
| | Lunge 0.0229 | 0.0143 | 1.5967 0.6263 |
| | Magen-Speiserohre 0.0193 | 0.0230 | 0.8404 1.1900 |
| | Muskel-Skelett 0.0308 | 0.0360 | 0.8567 1.1673 |
| | Niere 0.0109 | 0.0137 | 0.7930 1.2610 |
| 20 | Pankreas 0.0231 | 0.0994 | 0.2327 4.2979 |
| | Penis 0.0180 | 0.0533 | 0.3369 2.9678 |
| | Prostata 0.0610 | 0.0873 | 0.6991 1.4305 |
| | Uterus_Endometrium 0.0878 | 0.2111 | 0.4161 2.4032 |
| | Uterus_Myometrium 0.0838 | 0.0272 | 3.0862 0.3240 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0560 | 0.0954 | 0.5871 1.7032 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0256 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0297 | | |
| | Samenblase 0.0445 | | |
| | Sinnesorgane 0.0941 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0147 | | |
| | Zervix 0.0319 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0278 |
| | Gastrointestinal 0.0583 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0197 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0253 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0667 |
| | Prostata 0.0499 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.1497 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.1418 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0210 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0171 |
| | Haut-Muskel 0.0648 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0100 |
| | Prostata 0.0547 |
| | Sinnesorgane 0.0077 |
| | Uterus_n 0.0333 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-----------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0819 | 0.1840 | 0.4449 | 2.2476 | 5 |
| Brust | 0.0921 | 0.0846 | 1.0888 | 0.9184 | |
| Duenndarm | 0.1380 | 0.0496 | 2.7805 | 0.3596 | |
| Eierstock | 0.0419 | 0.0937 | 0.4477 | 2.2336 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0613 | 0.0301 | 2.0377 | 0.4907 | |
| Gastrointestinal | 0.1092 | 0.0694 | 1.5738 | 0.6354 | 10 |
| Gehirn | 0.0554 | 0.1910 | 0.2903 | 3.4446 | |
| Haematopoetisch | 0.1911 | 0.3030 | 0.6308 | 1.5853 | |
| Haut | 0.1065 | 0.2542 | 0.4188 | 2.3880 | |
| Hepatisch | 0.0523 | 0.0776 | 0.6740 | 1.4836 | |
| Herz | 0.0244 | 0.1649 | 0.1478 | 6.7673 | |
| Hoden | 0.0633 | 0.0819 | 0.7731 | 1.2935 | 15 |
| Lunge | 0.2846 | 0.1718 | 1.6572 | 0.6034 | |
| Magen-Speiseröhre | 0.0290 | 0.4140 | 0.0700 | 14.2797 | |
| Muskel-Skelett | 0.2330 | 0.1020 | 2.2844 | 0.4378 | |
| Niere | 0.0570 | 0.1232 | 0.4626 | 2.1617 | |
| Pankreas | 0.0380 | 0.2816 | 0.1349 | 7.4124 | 20 |
| Penis | 0.0299 | 0.3466 | 0.0864 | 11.5745 | |
| Prostata | 0.0676 | 0.0468 | 1.4424 | 0.6933 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0608 | 0.1055 | 0.5761 | 1.7357 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0686 | 0.0204 | 3.3668 | 0.2970 | |
| Uterus_allgemein | 0.1171 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0256 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0713 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.1529 | | | | |
| Weisse_Blutkörperchen | 0.2229 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0319 | | | | |

| | FOETUS | | |
|-------------------|--------------|--|----|
| | %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0278 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.1376 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0107 | | |
| Lunge | 0.0145 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0124 | | |
| Placenta | 0.0545 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | |
|-------------------|-------------------------------------|--|----|
| | %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.4354 | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 1.1088 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | 55 |
| Foetal | 0.0344 | | |
| Gastrointestinal | 0.0732 | | |
| Haematopoetisch | 0.0228 | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0077 | | 60 |
| Lunge | 0.0655 | | |
| Nerven | 0.0221 | | |
| Prostata | 0.0137 | | |
| Sinnesorgane | 0.1703 | | |
| Uterus_n | 0.0167 | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0429 | 0.0077 | 5.5933 0.1788 |
| | Brust 0.0051 | 0.0056 | 0.9074 1.1021 |
| | Duenndarm 0.0153 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0078 | 0.3838 2.6058 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0172 | 0.0046 | 3.7275 0.2683 |
| | Gehirn 0.0007 | 0.0051 | 0.1440 6.9448 |
| | Haematopoetisch 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef |
| | Herz 0.0085 | 0.0137 | 0.6168 1.6213 |
| 15 | Hoden 0.0173 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0021 | 0.0041 | 0.5080 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 undef |
| | Penis 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 0.6513 |
| | Uterus_Endometrium 0.0203 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0991 | 0.0136 | 7.2947 0.1371 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0204 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | |
| | Samenblase 0.0178 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0194 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0036 |
| | Lunge 0.0145 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0152 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0245 |
| | Foetal 0.0006 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0250 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0117 | 0.0128 | 0.9153 1.0926 | 5 |
| Brust | 0.0115 | 0.0075 | 1.5312 0.6531 | |
| Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0150 | 0.0026 | 5.7563 0.1737 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0100 | 0.3396 2.9444 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0111 | 0.0133 | 0.8307 1.2038 | |
| Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0042 | 0.0550 | 0.0771 12.9706 | 15 |
| Hoden | 0.0288 | 0.0351 | 0.8200 1.2196 | |
| Lunge | 0.0073 | 0.0041 | 1.7781 0.5624 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0120 | 0.7139 1.4008 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0083 | 0.0276 | 0.2991 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0153 | 0.0170 | 0.8957 1.1165 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0610 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0194 | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0071 | | | |
| Lunge | 0.0217 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0062 | | | |
| Placenta | 0.0242 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0340 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| Eierstock_t | 0.0658 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0076 | | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0228 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| Hoden | 0.0077 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0040 | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0232 | | | |
| Uterus_n | 0.0291 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0858 | 0.0844 | 1.0170 0.9833 |
| | Brust 0.0972 | 0.1053 | 0.9236 1.0828 |
| | Duenndarm 0.0766 | 0.0496 | 1.5447 0.6474 |
| | Eierstock 0.1677 | 0.0676 | 2.4796 0.4033 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0528 | 0.0602 | 0.8774 1.1398 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0843 | 0.1573 | 0.5360 1.8657 |
| | Gehirn 0.0791 | 0.1171 | 0.6758 1.4798 |
| | Haematopoetisch 0.1043 | 0.0758 | 1.3762 0.7266 |
| | Haut 0.0734 | 0.0847 | 0.8664 1.1542 |
| | Hepatisch 0.0285 | 0.1423 | 0.2005 4.9866 |
| 15 | Herz 0.0774 | 0.0550 | 1.4070 0.7107 |
| | Hoden 0.0460 | 0.1286 | 0.3578 2.7949 |
| | Lunge 0.0582 | 0.0634 | 0.9177 1.0896 |
| | Magen-Speiserohre 0.0580 | 0.0920 | 0.6303 1.5866 |
| | Muskel-Skelett 0.0702 | 0.1500 | 0.4683 2.1354 |
| 20 | Niere 0.0380 | 0.1232 | 0.3084 3.2425 |
| | Pankreas 0.0578 | 0.1988 | 0.2908 3.4383 |
| | Penis 0.0419 | 0.0533 | 0.7862 1.2719 |
| | Prostata 0.1351 | 0.1277 | 1.0577 0.9454 |
| | Uterus_Endometrium 0.0541 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.1525 | 0.0679 | 2.2445 0.4455 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.1579 | 0.1908 | 0.8273 1.2088 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0767 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.1367 | | |
| | Samenblase 0.1157 | | |
| | Sinnesorgane 0.0235 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0850 | | |
| | Zervix 0.0958 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.1138 |
| | Gehirn 0.1439 |
| | Haematopoetisch 0.0472 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0569 |
| | Lunge 0.0939 |
| | Nebenniere 0.0761 |
| 45 | Niere 0.1112 |
| | Placenta 0.0667 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0251 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0204 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0253 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0245 |
| | Foetal 0.0029 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| 60 | Hoden 0.0309 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0211 |
| | Prostata 0.0889 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0195 | 0.0179 | 1.0896 0.9178 | 5 |
| Brust | 0.0230 | 0.0150 | 1.5312 0.6531 | |
| Duenndarm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 1.7982 | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0104 | 1.1513 0.8686 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0201 | 0.4245 2.3555 | |
| Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0059 | 0.0257 | 0.2304 4.3405 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 0.3400 | |
| Herz | 0.0127 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0230 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Lunge | 0.0229 | 0.0286 | 0.7983 1.2526 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0153 | 1.2605 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0137 | 0.0120 | 1.1422 0.8755 | |
| Niere | 0.0109 | 0.0411 | 0.2643 3.7829 | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0327 | 0.0213 | 1.5354 0.6513 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0416 | | | |
| Samenblase | 0.0445 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.1119 | | | 30 |
| Zervix | 0.0319 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0028 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0520 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0217 | | | |
| Nebenniere | 0.1268 | | | |
| Niere | 0.0062 | | | |
| Placenta | 0.0121 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0272 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0146 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0030 | | | |
| Prostata | 0.0137 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0929 | | | |
| Uterus_n | 0.0250 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 undef |
| | Brust 0.0038 | 0.0019 | 2.0416 0.4898 |
| | Duenndarm 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 4.8289 |
| | Gehirn 0.0067 | 0.0051 | 1.2959 0.7716 |
| | Haematopoetisch 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0137 | 0.0000 undef |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Lunge 0.0052 | 0.0061 | 0.8467 1.1810 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Muskel-Skelett 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 1.7510 |
| | Niere 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Prostata 0.0109 | 0.0043 | 2.5591 0.3908 |
| | Uterus_Endometrium 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

FOETUS

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0063 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0036 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0124 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0023 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0114 |
| | Haut-Muskel 0.0065 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0070 |
| | Prostata 0.0137 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0156 | 0.0383 | 0.4068 2.4583 | 5 |
| Brust | 0.0563 | 0.0226 | 2.4953 0.4008 | |
| Duenndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0389 | 0.0026 | 14.9663 0.0668 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0075 | 0.9057 1.1042 | |
| Gastrointestinal | 0.0211 | 0.0093 | 2.2779 0.4390 | 10 |
| Gehirn | 0.0170 | 0.0246 | 0.6900 1.4494 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0661 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef | |
| Herz | 0.0170 | 0.0137 | 1.2336 0.8107 | 15 |
| Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Lunge | 0.0197 | 0.0102 | 1.9305 0.5180 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0163 | 0.0342 | 0.4758 2.1016 | |
| Pankreas | 0.0099 | 0.0221 | 0.4487 2.2286 | 20 |
| Penis | 0.0629 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0501 | 0.0192 | 2.6159 0.3823 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0458 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| Samenblase | 0.0623 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0136 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | 55 |
| Foetal | 0.0006 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0154 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | 60 |
| Nerven | 0.0030 | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0117 | 0.0026 | 4.5763 0.2185 |
| | Brust 0.0026 | 0.0075 | 0.3403 2.9389 |
| | Duenndarm 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0208 | 0.1439 6.9489 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0085 | 0.0025 | 3.3962 0.2944 |
| | Gastrointestinal 0.0057 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 15 | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0083 | 0.0102 | 0.8129 1.2302 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0193 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Niere 0.0136 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Penis 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0065 | 0.0064 | 1.0236 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0089 | | |
| | Samenblase 0.0445 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | |
| | Zervix 0.0213 | | |

FOETUS

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0062 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0136 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.1418 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0047 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0154 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0137 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0468 | 0.0690 | 0.6780 1.4750 | 5 |
| | Brust | 0.0153 | 0.0113 | |
| | Duenndarm | 0.0245 | 0.0165 | |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0130 | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0150 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0139 | 0.4142 2.4145 | 10 |
| | Gehirn | 0.2417 | 0.1489 | |
| | Haematopoetisch | 0.0388 | 0.0379 | |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0194 | |
| Hodentumoren | Herz | 0.0710 | 0.0000 | 15 |
| | Hoden | 0.4430 | 0.0000 | |
| | Lunge | 0.0686 | 0.0470 | |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0383 | |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0300 | |
| Magen-Uterus | Niere | 0.0299 | 0.0411 | 20 |
| | Pankreas | 0.0066 | 0.0442 | |
| | Penis | 0.0269 | 0.0000 | |
| | Prostata | 0.1547 | 0.0596 | |
| | Uterus_Endometrium | 0.0405 | 0.0000 | |
| Prostata-Uterus | Uterus_Myometrium | 0.1143 | 0.0340 | 25 |
| | Uterus_allgemein | 0.0611 | 0.5725 | |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.1962 | | |
| | Samenblase | 0.2492 | | |
| Weisse Blutkoerperchen | Sinnesorgane | 0.0588 | | 30 |
| | Weisse Blutkoerperchen | 0.0017 | | |
| | Zervix | 0.2768 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0111 | | |
| Gehirn | 0.0438 | | |
| Haematopoetisch | 0.0118 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0107 | | |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0667 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0340 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0354 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0041 | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0309 | | |
| Lunge | 0.0328 | | |
| Nerven | 0.0512 | | 60 |
| Prostata | 0.0547 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | |
| | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0195 | 0.0128 | 1.5254 0.6555 |
| | Brust 0.0435 | 0.0244 | 1.7798 0.5618 |
| | Duenndarm 0.0184 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0120 | 0.0130 | 0.9210 1.0858 |
| 10 | Endokrines Gewebe 0.0085 | 0.0075 | 1.1321 0.8833 |
| | Gastrointestinal 0.0057 | 0.0139 | 0.4142 2.4145 |
| | Gehirn 0.0140 | 0.0092 | 1.5199 0.6579 |
| | Haematopoetisch 0.0080 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0143 | 0.0388 | 0.3676 2.7200 |
| 15 | Herz 0.0413 | 0.0137 | 3.0068 0.3326 |
| | Hoden 0.0173 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0145 | 0.0082 | 1.7781 0.5624 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0223 | 0.0180 | 1.2374 0.8082 |
| 20 | Niere 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 2.5219 |
| | Pankreas 0.0099 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Penis 0.0180 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0218 | 0.0213 | 1.0236 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0270 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0838 | 0.0204 | 4.1150 0.2430 |
| | Uterus_allgemein 0.0458 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0256 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | |
| | Samenblase 0.0089 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | |
| | Zervix 0.0319 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0072 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0247 |
| 45 | Placenta 0.0303 |
| | Prostata 0.1247 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.2585 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0759 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0490 |
| | Foetal 0.0163 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0421 |
| | Hoden 0.0463 |
| 60 | Lunge 0.0246 |
| | Nerven 0.0090 |
| | Prostata 0.0137 |
| | Sinnesorgane 0.2168 |
| | Uterus_n 0.0291 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Ncrthern für SEQ. ID. NO: 41

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0546 | 0.0537 | 1.0170 0.9833 | 5 |
| Brust | 0.0473 | 0.0207 | 2.2890 0.4369 | |
| Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0210 | 0.0104 | 2.0147 0.4964 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0226 | 0.5283 1.8928 | |
| Gastrointestinal | 0.0211 | 0.0231 | 0.9112 1.0975 | 10 |
| Gehirn | 0.0067 | 0.0246 | 0.2700 3.7039 | |
| Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0143 | 0.0194 | 0.7353 1.3600 | |
| Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 2.0326 | 15 |
| Lunge | 0.0343 | 0.0020 | 16.7651 0.0596 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0206 | 0.0420 | 0.4895 2.0428 | |
| Niere | 0.0109 | 0.0068 | 1.5861 0.6305 | |
| Pankreas | 0.0083 | 0.0055 | 1.4957 0.6686 | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 4.4517 | |
| Prostata | 0.0458 | 0.0426 | 1.0748 0.9304 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.1908 | 0.0801 12.4905 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0238 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0720 | | | 30 |
| Zervix | 0.0319 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0139 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0118 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0181 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0061 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0502 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0748 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0253 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0735 | | 55 |
| Foetal | 0.0012 | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | |
| Haematopoetisch | 0.0171 | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0000 | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nerven | 0.0060 | | |
| Prostata | 0.0274 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0083 | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0156 | 0.0153 | 1.0170 0.9833 |
| | Brust 0.0217 | 0.0226 | 0.9641 1.0373 |
| | Duenndarm 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 1.3487 |
| | Eierstock 0.0120 | 0.0338 | 0.3542 2.8230 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0273 | 0.0150 | 1.8113 0.5521 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0192 | 0.0046 | 4.1417 0.2414 |
| | Gehirn 0.0155 | 0.0216 | 0.7200 1.3890 |
| | Haematopoetisch 0.0107 | 0.0758 | 0.1412 7.0845 |
| | Haut 0.0294 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0095 | 0.0194 | 0.4902 2.0400 |
| 15 | Herz 0.0138 | 0.0275 | 0.5011 1.9955 |
| | Hoden 0.0288 | 0.0234 | 1.2299 0.8130 |
| | Lunge 0.0364 | 0.0143 | 2.5402 0.3937 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0580 | 0.0537 | 1.0805 0.9255 |
| | Muskel-Skelett 0.0188 | 0.0180 | 1.0470 0.9551 |
| | Niere 0.0217 | 0.0411 | 0.5287 1.8915 |
| 20 | Pankreas 0.0099 | 0.0221 | 0.4487 2.2286 |
| | Penis 0.0120 | 0.0533 | 0.2246 4.4517 |
| | Prostata 0.0349 | 0.0213 | 1.6378 0.6106 |
| | Uterus_Endometrium 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0457 | 0.0068 | 6.7336 0.1485 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0407 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0357 | | |
| | Samenblase 0.0089 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0260 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

FOETUS

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointestinal 0.0083 |
| | Gehirn 0.0125 |
| | Haematopoetisch 0.0079 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0325 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0618 |
| 45 | Placenta 0.0182 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0377 |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0239 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0228 |
| | Haut-Muskel 0.0227 |
| | Hoden 0.0386 |
| 60 | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0131 |
| | Prostata 0.0342 |
| | Sinnesorgane 0.0387 |
| | Uterus_n 0.0042 |

65

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0078 | 0.0179 | 0.4358 2.2944 | 5 |
| Brust | 0.0115 | 0.0038 | 3.0624 0.3265 | |
| Duenndarm | 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 1.3487 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0130 | 0.4605 2.1715 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0221 | 0.0201 | 1.1038 0.9060 | |
| Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0139 | 0.9664 1.0348 | 10 |
| Gehirn | 0.0185 | 0.0267 | 0.6923 1.4445 | |
| Haematopoetisch | 0.0160 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 undef | |
| Herz | 0.0117 | 0.0137 | 0.8481 1.1791 | 15 |
| Hoden | 0.0173 | 0.0702 | 0.2460 4.0652 | |
| Lunge | 0.0052 | 0.0164 | 0.3175 3.1494 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0171 | 0.0120 | 1.4278 0.7004 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0205 | 0.3965 2.5219 | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0331 | 0.0997 10.0285 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0087 | 0.0106 | 0.8189 1.2211 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0139 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0111 | | |
| Gehirn | 0.0125 | | |
| Haematopoetisch | 0.0236 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0534 | | |
| Lunge | 0.0145 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0364 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0136 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0557 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0105 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | | |
| Hoden | 0.0077 | | |
| Lunge | 0.0164 | | 60 |
| Nerven | 0.0080 | | |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0195 | 0.0128 | 1.5254 0.6555 |
| | Brust 0.0153 | 0.0150 | 1.0208 0.9796 |
| | Duenndarm 0.0123 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0210 | 0.0234 | 0.8954 1.1168 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0136 | 0.0100 | 1.3585 0.7361 |
| | Gastrointestinal 0.0038 | 0.0231 | 0.1657 6.0362 |
| | Gehirn 0.0126 | 0.0175 | 0.7200 1.3890 |
| | Haematopoetisch 0.0107 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0143 | 0.0065 | 2.2059 0.4533 |
| | Herz 0.0106 | 0.0137 | 0.7710 1.2971 |
| 15 | Hoden 0.0288 | 0.0351 | 0.8200 1.2196 |
| | Lunge 0.0125 | 0.0041 | 3.0482 0.3281 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.0103 | 0.0120 | 0.8567 1.1673 |
| | Niere 0.0163 | 0.0137 | 1.1896 0.8406 |
| 20 | Pankreas 0.0066 | 0.0276 | 0.2393 4.1785 |
| | Penis 0.0150 | 0.0267 | 0.5616 1.7807 |
| | Prostata 0.0087 | 0.0064 | 1.3648 0.7327 |
| | Uterus_Endometrium 0.0270 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0762 | 0.0068 | 11.2227 0.0891 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0102 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0064 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0030 | | |
| | Samenblase 0.0178 | | |
| | Sinnesorgane 0.0235 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0069 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointenstinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0063 |
| | Haematopoetisch 0.0197 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0036 |
| | Lunge 0.0253 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0247 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0506 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0490 |
| | Foetal 0.0181 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0228 |
| | Haut-Muskel 0.0292 |
| 60 | Hoden 0.0309 |
| | Lunge 0.0082 |
| | Nerven 0.0060 |
| | Prostata 0.0205 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0083 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0312 | 0.0179 | 1.7434 0.5736 | 5 |
| Brust | 0.0115 | 0.0132 | 0.8750 1.1429 | |
| Duenndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0078 | 1.5350 0.6515 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0170 | 0.0050 | 3.3962 0.2944 | |
| Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0278 | 0.4832 2.0695 | 10 |
| Gehirn | 0.0030 | 0.0051 | 0.5760 1.7362 | |
| Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0379 | 0.2470 4.0483 | |
| Haut | 0.0220 | 0.0847 | 0.2599 3.8473 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef | |
| Herz | 0.0117 | 0.0412 | 0.2827 3.5374 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 2.0326 | 15 |
| Lunge | 0.0052 | 0.0102 | 0.5080 1.9684 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 1.5866 | |
| Muskel-Skelett | 0.0171 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0132 | 0.0221 | 0.5983 1.6714 | 20 |
| Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0087 | 0.0128 | 0.6824 1.4654 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0147 | | | 30 |
| Zervix | 0.0319 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0139 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0182 | | 45 |
| Prostata | 0.0748 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0000 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0810 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0099 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0488 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | | |
| Hoden | 0.0309 | | |
| Lunge | 0.0164 | | 60 |
| Nerven | 0.0070 | | |
| Prostata | 0.0068 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0125 | | 65 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0351 | 0.0383 | 0.9153 1.0926 |
| | Brust 0.0499 | 0.1165 | 0.4281 2.3360 |
| | Duenndarm 0.0491 | 0.0331 | 1.4830 0.6743 |
| | Eierstock 0.0629 | 0.0728 | 0.8634 1.1582 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0341 | 0.0100 | 3.3962 0.2944 |
| | Gastrointestinal 0.0383 | 0.1110 | 0.3451 2.8974 |
| | Gehirn 0.0347 | 0.0339 | 1.0254 0.9752 |
| | Haematopoetisch 0.0401 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0330 | 0.0847 | 0.3899 2.5649 |
| | Hepatisch 0.0381 | 0.0453 | 0.8403 1.1900 |
| 15 | Herz 0.0254 | 0.0550 | 0.4626 2.1618 |
| | Hoden 0.0748 | 0.1052 | 0.7106 1.4072 |
| | Lunge 0.0384 | 0.0613 | 0.6266 1.5960 |
| | Magen-Speiserohre 0.0773 | 0.0613 | 1.2605 0.7933 |
| | Muskel-Skelett 0.0531 | 0.0360 | 1.4753 0.6778 |
| | Niere 0.0299 | 0.0753 | 0.3965 2.5219 |
| 20 | Pankreas 0.0083 | 0.0828 | 0.0997 10.0285 |
| | Penis 0.0240 | 0.1066 | 0.2246 4.4517 |
| | Prostata 0.0392 | 0.0298 | 1.3161 0.7598 |
| | Uterus_Endometrium 0.0811 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0915 | 0.0068 | 13.4672 0.0743 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0917 | 0.0954 | 0.9607 1.0409 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0192 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0149 | | |
| | Samenblase 0.0356 | | |
| | Sinnesorgane 0.0823 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0616 | | |
| | Zervix 0.0852 | | |

FOETUS

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0167 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0197 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0178 |
| | Lunge 0.0217 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0062 |
| 45 | Placenta 0.0364 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0126 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0340 |
| | Eierstock_n 0.1595 |
| | Eierstock_t 0.1114 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0134 |
| | Gastrointestinal 0.0366 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0032 |
| | Hoden 0.0154 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0070 |
| | Prostata 0.0137 |
| | Sinnesorgane 0.0077 |
| 65 | Uterus_n 0.0167 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0273 | 0.0179 | 1.5254 0.6555 | 5 |
| Brust | 0.0153 | 0.0075 | 2.0416 0.4898 | |
| Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0210 | 0.0078 | 2.6863 0.3723 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0100 | 0.8491 1.1778 | |
| Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0093 | 1.8638 0.5365 | 10 |
| Gehirn | 0.0096 | 0.0113 | 0.8509 1.1753 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0143 | 0.0194 | 0.7353 1.3600 | |
| Herz | 0.0085 | 0.0137 | 0.6168 1.6213 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 undef | |
| Lunge | 0.0093 | 0.0041 | 2.2862 0.4374 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0153 | 1.2605 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0120 | 0.7139 1.4008 | |
| Niere | 0.0163 | 0.0068 | 2.3791 0.4203 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0131 | 0.0106 | 1.2284 0.8141 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | 30 |
| Zervix | 0.0426 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0139 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0139 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0260 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0071 | | | |
| Lunge | 0.0072 | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | |
| Niere | 0.0062 | | | |
| Placenta | 0.0061 | | | 45 |
| Prostata | 0.0249 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.1224 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0759 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0058 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| Hoden | 0.0154 | | | |
| Lunge | 0.0082 | | | 60 |
| Nerven | 0.0120 | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| Uterus_n | 0.0333 | | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0429 | 0.0077 | 5.5933 0.1788 |
| | Brust 0.0217 | 0.0432 | 0.5030 1.9881 |
| | Duenndarm 0.0307 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0419 | 0.0208 | 2.0147 0.4964 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0307 | 0.0276 | 1.1115 0.8997 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0345 | 0.0370 | 0.9319 1.0731 |
| | Gehirn 0.0192 | 0.0257 | 0.7488 1.3355 |
| | Haematopoetisch 0.0241 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0367 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0428 | 0.0129 | 3.3088 0.3022 |
| | Herz 0.0223 | 0.0137 | 1.6190 0.6176 |
| 15 | Hoden 0.0173 | 0.0351 | 0.4920 2.0326 |
| | Lunge 0.0374 | 0.0348 | 1.0758 0.9295 |
| | Magen-Speiserohre 0.0193 | 0.0077 | 2.5211 0.3967 |
| | Muskel-Skelett 0.0274 | 0.0540 | 0.5076 1.9699 |
| | Niere 0.0353 | 0.0068 | 5.1548 0.1940 |
| 20 | Pankreas 0.0215 | 0.0166 | 1.2963 0.7714 |
| | Penis 0.0509 | 0.0533 | 0.9547 1.0475 |
| | Prostata 0.0262 | 0.0277 | 0.9449 1.0583 |
| | Uterus_Endometrium 0.0270 | 0.1055 | 0.2561 3.9053 |
| | Uterus_Myometrium 0.0534 | 0.0136 | 3.9279 0.2546 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0288 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0327 | | |
| | Samenblase 0.0801 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0191 | | |
| | Zervix 0.0213 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointestinal 0.0472 |
| | Gehirn 0.0250 |
| | Haematopoetisch 0.0118 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0780 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0108 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0494 |
| 45 | Placenta 0.0364 |
| | Prostata 0.0499 |
| | Sinnesorgane 0.0251 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0204 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0111 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0130 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0171 |
| | Prostata 0.0137 |
| | Sinnesorgane 0.0464 |
| | Uterus_n 0.0458 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.4367 | 0.1227 | 3.5594 0.2809 | 5 |
| Brust | 0.0256 | 0.0320 | 0.8006 1.2490 | |
| Duenndarm | 0.1104 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0569 | 0.0260 | 2.1874 0.4572 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0125 | 0.6792 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.1150 | 0.0139 | 8.2834 0.1207 | 10 |
| Gehirn | 0.0074 | 0.0216 | 0.3428 2.9168 | |
| Haematopoetisch | 0.0267 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0285 | 0.0518 | 0.5515 1.8133 | |
| Herz | 0.0763 | 0.0412 | 1.8503 0.5404 | |
| Hoden | 0.0748 | 0.0117 | 6.3957 0.1564 | 15 |
| Lunge | 0.0416 | 0.0245 | 1.6934 0.5905 | |
| Magen-Speisereroehre | 0.1546 | 0.0690 | 2.2409 0.4462 | |
| Muskel-Skelett | 0.0240 | 0.0360 | 0.6663 1.5009 | |
| Niere | 0.0109 | 0.0137 | 0.7930 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.1657 | 0.0100 100.2850 | 20 |
| Penis | 0.2605 | 0.0800 | 3.2571 0.3070 | |
| Prostata | 0.1242 | 0.1256 | 0.9889 1.0112 | |
| Uterus_Endometrium | 0.2838 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.3201 | 0.1087 | 2.9459 0.3394 | |
| Uterus_allgemein | 0.2292 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0951 | | | |
| Samenblase | 0.3382 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0295 | | | 30 |
| Zervix | 0.1278 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0805 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0275 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0071 | | |
| Lunge | 0.0361 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0309 | | |
| Placenta | 0.0000 | | 45 |
| Prostata | 0.0499 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0272 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0304 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0099 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0854 | | |
| Haematopoetisch | 0.0228 | | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | | |
| Hoden | 0.0077 | | |
| Lunge | 0.0491 | | 60 |
| Nerven | 0.0020 | | |
| Prostata | 0.0410 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.1582 | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0117 | 0.0179 | 0.6538 1.5296 |
| | Brust 0.0102 | 0.0075 | 1.3611 0.7347 |
| | Duenndarm 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0090 | 0.0182 | 0.4934 2.0268 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0085 | 0.0125 | 0.6792 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0038 | 0.0093 | 0.4142 2.4145 |
| | Gehirn 0.0074 | 0.0154 | 0.4800 2.0835 |
| | Haematopoetisch 0.0094 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 1.3600 |
| | Herz 0.0042 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 15 | Hoden 0.0230 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 5.9051 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0097 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0069 | 0.0060 | 1.1422 0.8755 |
| | Niere 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 2.5219 |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0166 | 0.1994 5.0142 |
| | Penis 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0102 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0119 | | |
| | Samenblase 0.0178 | | |
| | Sinnesorgane 0.0235 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0017 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointenstinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0063 |
| | Haematopoetisch 0.0079 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0036 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0124 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0272 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0041 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0032 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0082 |
| | Nerven 0.0060 |
| | Prostata 0.0137 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0507 | 0.0613 | 0.8263 1.2102 | 5 |
| Brust | 0.0294 | 0.0395 | 0.7453 1.3417 | |
| Duenndarm | 0.0245 | 0.0331 | 0.7415 1.3487 | |
| Eierstock | 0.0479 | 0.0468 | 1.0233 0.9772 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0477 | 0.0301 | 1.5849 0.6309 | |
| Gastrointestinal | 0.0268 | 0.0740 | 0.3624 2.7594 | 10 |
| Gehirn | 0.0281 | 0.0534 | 0.5261 1.9007 | |
| Haematopoetisch | 0.0227 | 0.0379 | 0.5999 1.6669 | |
| Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0238 | 0.0323 | 0.7353 1.3600 | |
| Herz | 0.0435 | 0.0275 | 1.5805 0.6327 | 15 |
| Hoden | 0.0230 | 0.1637 | 0.1406 7.1142 | |
| Lunge | 0.0623 | 0.0716 | 0.8709 1.1482 | |
| Magen-Speiseroehte | 0.0290 | 0.0767 | 0.3782 2.6444 | |
| Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0360 | 0.3331 3.0017 | |
| Niere | 0.0407 | 0.0137 | 2.9739 0.3363 | |
| Pankreas | 0.0215 | 0.0884 | 0.2431 4.1143 | 20 |
| Penis | 0.0359 | 0.0800 | 0.4493 2.2259 | |
| Prostata | 0.0174 | 0.0170 | 1.0236 0.9769 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0608 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0915 | 0.0340 | 2.6934 0.3713 | |
| Uterus_allgemein | 0.0306 | 0.6679 | 0.0457 21.8583 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0268 | | | |
| Samenblase | 0.1513 | | | |
| Sinnesorgane | 0.1176 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0121 | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0278 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0528 | | |
| Gehirn | 0.0188 | | |
| Haematopoetisch | 0.0315 | | |
| Haut | 0.2513 | | |
| Hepatisch | 0.0260 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0462 | | |
| Lunge | 0.0542 | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | |
| Niere | 0.0927 | | |
| Placenta | 0.0242 | | 45 |
| Prostata | 0.0499 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|-----|
| Brust | 0.0272 | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0608 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | .55 |
| Foetal | 0.0163 | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | | |
| Haut-Muskel | 0.0292 | | |
| Hoden | 0.0077 | | |
| Lunge | 0.0410 | | 60 |
| Nerven | 0.0070 | | |
| Prostata | 0.0410 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0083 | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0117 | 0.0256 | 0.4576 2.1852 |
| | Brust 0.0205 | 0.0132 | 1.5555 0.6429 |
| | Duenndarm 0.0337 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 0.8686 |
| 10 | Endokrines_Gewebe 0.0051 | 0.0100 | 0.5094 1.9630 |
| | Gastrointestinal 0.0153 | 0.0046 | 3.3134 0.3018 |
| | Gehirn 0.0074 | 0.0154 | 0.4800 2.0835 |
| | Haematopoetisch 0.0241 | 0.0379 | 0.6352 1.5743 |
| | Haut 0.0551 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 2.7200 |
| 15 | Herz 0.0244 | 0.0825 | 0.2955 3.3836 |
| | Hoden 0.0115 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0478 | 0.0307 | 1.5580 0.6419 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 undef |
| | Muskel-Skelett 0.1233 | 0.0120 | 10.2798 0.0973 |
| | Niere 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 1.2610 |
| 20 | Pankreas 0.0066 | 0.0497 | 0.1330 7.5214 |
| | Penis 0.0210 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Prostata 0.0218 | 0.0064 | 3.4121 0.2931 |
| | Uterus_Endometrium 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0457 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0204 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0096 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0238 | | |
| | Samenblase 0.0178 | | |
| | Sinnesorgane 0.0235 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0356 | | |
| | Zervix 0.0213 | | |

FOETUS

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0278 |
| | Gastrointenstinal 0.0139 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0272 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0268 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| | Haut-Muskel 0.0162 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0082 |
| | Nerven 0.0010 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0125 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0975 | 0.0256 | 3.8136 0.2622 | 5 |
| Brust | 0.0090 | 0.0263 | 0.3403 2.9389 | |
| Duenndarm | 0.0491 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0062 | 0.0000 undef | |
| Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 1.3600 | |
| Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0291 | 0.0164 | 1.7781 0.5624 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0773 | 0.0153 | 5.0421 0.1983 | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0060 | 0.8567 1.1673 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0153 | 0.0064 | 2.3885 0.4187 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0686 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0204 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0297 | | | |
| Samenblase | 0.0356 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0470 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0083 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0036 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0061 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0136 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0017 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0082 | | 60 |
| Nerven | 0.0010 | | |
| Prostata | 0.0068 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0083 | | 65 |

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 0.6555 |
| | Brust 0.0026 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Duenndarm 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0019 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Gehirn 0.0015 | 0.0021 | 0.7200 1.3890 |
| | Haematopoetisch 0.0067 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 15 | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Lunge 0.0021 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 1.6714 |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Prostata 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 undef |
| | Uterus_Endometrium 0.0068 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0064 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | |
| | Samenblase 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0104 | | |
| | Zervix 0.0000 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0000 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0078 | 0.0077 | 1.0170 0.9833 | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0038 | 1.3611 0.7347 | |
| Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0031 | 0.7200 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0137 | 0.0771 12.9706 | 15 |
| Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 0.3937 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0060 | 0.8567 1.1673 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0085 | 0.5118 1.9538 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | |
|-------------------|------------------------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0222 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | | |
| Lunge | 0.0072 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0121 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | |
|-------------------|---|--|----|
| Brust | 0.0204 | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0456 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | |
| Foetal | 0.0058 | | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | |
| Hoden | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0000 | | 60 |
| Nerven | 0.0020 | | |
| Prostata | 0.0068 | | |
| Sinnesorgane | 0.0232 | | |
| Uterus_n | 0.0208 | | 65 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-----------------------------|
| 5 | Blase 0.0546 | 0.1074 | 0.5085 1.9666 |
| | Brust 0.0563 | 0.0470 | 1.1977 0.8349 |
| | Duenndarm 0.1380 | 0.0331 | 4.1708 0.2398 |
| | Eierstock 0.0539 | 0.0650 | 0.8289 1.2064 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0238 | 0.0351 | 0.6792 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal 0.1322 | 0.1758 | 0.7520 1.3297 |
| | Gehirn 0.0229 | 0.0452 | 0.5072 1.9714 |
| | Haematopoetisch 0.0241 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.1652 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0285 | 0.0518 | 0.5515 1.8133 |
| | Herz 0.1166 | 0.1649 | 0.7067 1.4150 |
| 15 | Hoden 0.0115 | 0.0117 | 0.9839 1.0163 |
| | Lunge 0.1049 | 0.1329 | 0.7894 1.2668 |
| | Magen-Speiseroehre 0.1353 | 0.0613 | 2.2059 0.4533 |
| | Muskel-Skelett 0.0685 | 0.0240 | 2.8555 0.3502 |
| | Niere 0.0570 | 0.0753 | 0.7570 1.3210 |
| 20 | Pankreas 0.0165 | 0.1491 | 0.1108 9.0256 |
| | Penis 0.0749 | 0.0267 | 2.8079 0.3561 |
| | Prostata 0.0610 | 0.0234 | 2.6056 0.3838 |
| | Uterus_Endometrium 0.0338 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0991 | 0.0340 | 2.9179 0.3427 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0509 | 0.1908 | 0.2669 3.7471 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0064 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0386 | | |
| | Samenblase 0.0801 | | |
| | Sinnesorgane 0.0588 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0616 | | |
| | Zervix 0.1810 | | |

FOETUS

| | %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointenstinal 0.0194 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0275 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0142 |
| | Lunge 0.0181 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0247 |
| 45 | Placenta 0.0364 |
| | Prostata 0.0499 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0058 |
| | Gastrointestinal 0.0976 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| | Haut-Muskel 0.0259 |
| | Hoden 0.0309 |
| 60 | Lunge 0.1802 |
| | Nerven 0.0050 |
| | Prostata 0.0274 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0125 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0663 | 0.0792 | 0.8365 1.1954 | 5 |
| Brust | 0.0780 | 0.1259 | 0.6196 1.6140 | |
| Duenndarm | 0.0675 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0449 | 0.0260 | 1.7269 0.5791 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0664 | 0.0853 | 0.7791 1.2835 | |
| Gastrointestinal | 0.0805 | 0.0370 | 2.1744 0.4599 | 10 |
| Gehirn | 0.0407 | 0.0924 | 0.4400 2.2729 | |
| Haematopoetisch | 0.0495 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0734 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0238 | 0.1165 | 0.2042 4.8960 | |
| Herz | 0.0445 | 0.0687 | 0.6476 1.5441 | 15 |
| Hoden | 0.0403 | 0.0585 | 0.6888 1.4519 | |
| Lunge | 0.1184 | 0.1329 | 0.8910 1.1223 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0580 | 0.0997 | 0.5818 1.7188 | |
| Muskel-Skelett | 0.0634 | 0.0660 | 0.9605 1.0411 | |
| Niere | 0.0679 | 0.2396 | 0.2832 3.5307 | 20 |
| Pankreas | 0.0182 | 0.0939 | 0.1936 5.1662 | |
| Penis | 0.0180 | 0.1333 | 0.1348 7.4196 | |
| Prostata | 0.0501 | 0.0681 | 0.7357 1.3592 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0610 | 0.0068 | 8.9781 0.1114 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0327 | | | |
| Samenblase | 0.0979 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0706 | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.1665 | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0250 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0520 | | | 40 |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0107 | | | |
| Lunge | 0.0253 | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | |
| Niere | 0.0247 | | | |
| Placenta | 0.0121 | | | 45 |
| Prostata | 0.0249 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0476 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0608 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| Foetal | 0.0204 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0366 | | | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.1392 | | | |
| Nerven | 0.0171 | | | 60 |
| Prostata | 0.0274 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0619 | | | |
| Uterus_n | 0.0250 | | | |
| | | | | |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.0156 | 0.0409 | 0.3814 2.6222 |
| | Brust 0.0243 | 0.0376 | 0.6465 1.5468 |
| | Duenndarm 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 1.3487 |
| | Eierstock 0.0210 | 0.0286 | 0.7326 1.3650 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0273 | 0.0376 | 0.7245 1.3802 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0326 | 0.0370 | 0.8801 1.1362 |
| | Gehirn 0.0207 | 0.0534 | 0.3877 2.5795 |
| | Haematopoetisch 0.0267 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Haut 0.0220 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0095 | 0.0970 | 0.0980 10.1999 |
| 15 | Herz 0.0551 | 0.0275 | 2.0045 0.4989 |
| | Hoden 0.0115 | 0.0351 | 0.3280 3.0489 |
| | Lunge 0.0436 | 0.0552 | 0.7903 1.2654 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0483 | 0.0077 | 6.3027 0.1587 |
| | Muskel-Skelett 0.0257 | 0.0660 | 0.3894 2.5681 |
| | Niere 0.0136 | 0.0342 | 0.3965 2.5219 |
| 20 | Pankreas 0.0099 | 0.0276 | 0.3590 2.7857 |
| | Penis 0.0210 | 0.0267 | 0.7862 1.2719 |
| | Prostata 0.0327 | 0.0319 | 1.0236 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0405 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0534 | 0.0136 | 3.9279 0.2546 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0051 | 0.1908 | 0.0267 37.4714 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0288 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0416 | | |
| | Samenblase 0.1068 | | |
| | Sinnesorgane 0.0118 | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0486 | | |
| | Zervix 0.0106 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0417 |
| | Gastrointenstinal 0.0333 |
| | Gehirn 0.0188 |
| | Haematopoetisch 0.0393 |
| | Haut 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0107 |
| | Lunge 0.0253 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0062 |
| 45 | Placenta 0.0364 |
| | Prostata 0.0499 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0340 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0658 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0204 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0114 |
| | Haut-Muskel 0.0454 |
| | Hoden 0.0000 |
| 60 | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0060 |
| | Prostata 0.0068 |
| | Sinnesorgane 0.0155 |
| | Uterus_n 0.0042 |

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.0507 | 0.0716 | 0.7082 1.4119 | 5 |
| Brust | 0.0895 | 0.0827 | 1.0827 0.9237 | |
| Duenndarm | 0.0583 | 0.0331 | 1.7610 0.5679 | |
| Eierstock | 0.1587 | 0.1509 | 1.0520 0.9506 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0579 | 0.0677 | 0.8553 1.1691 | |
| Gastrointestinal | 0.0747 | 0.1619 | 0.4615 2.1668 | 10 |
| Gehirn | 0.0377 | 0.0791 | 0.4769 2.0971 | |
| Haematopoetisch | 0.0762 | 0.0758 | 1.0057 0.9943 | |
| Haut | 0.0477 | 0.4237 | 0.1126 8.8784 | |
| Hepatisch | 0.0190 | 0.0841 | 0.2262 4.4200 | |
| Herz | 0.0689 | 0.0550 | 1.2528 0.7982 | 15 |
| Hoden | 0.0288 | 0.2105 | 0.1367 7.3174 | |
| Lunge | 0.0499 | 0.1063 | 0.4690 2.1324 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0383 | 0.5042 1.9833 | |
| Muskel-Skelett | 0.0343 | 0.0960 | 0.3569 2.8016 | |
| Niere | 0.0652 | 0.1164 | 0.5598 1.7864 | 20 |
| Pankreas | 0.0463 | 0.0718 | 0.6443 1.5520 | |
| Penis | 0.0749 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0894 | 0.0958 | 0.9326 1.0722 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0743 | 0.1055 | 0.7042 1.4201 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0686 | 0.1290 | 0.5316 1.8811 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.1273 | 0.3817 | 0.3336 2.9977 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0863 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.1338 | | | |
| Samenblase | 0.1691 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0353 | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0451 | | | |
| Zervix | 0.0532 | | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit | | | 35 |
|-------------------|------------------------|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0835 | | | |
| Gastrointestinal | 0.1000 | | | |
| Gehirn | 0.1001 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0433 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0569 | | | |
| Lunge | 0.0903 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0865 | | | 45 |
| Placenta | 0.0364 | | | |
| Prostata | 0.1247 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit | | | 50 |
|-------------------|---|--|--|----|
| Brust | 0.0068 | | | |
| Eierstock_n | 0.3190 | | | |
| Eierstock_t | 0.0152 | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| Foetal | 0.0099 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0227 | | | 60 |
| Hoden | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0164 | | | |
| Nerven | 0.0100 | | | |
| Prostata | 0.0274 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 65 |
| Uterus_n | 0.0042 | | | |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

QUERY: utn_1572013_13.fasta.ext

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.1638 | 0.0486 | 3.3720 0.2966 |
| | Brust 0.2149 | 0.1015 | 2.1172 0.4723 |
| | Duenndarm 0.0705 | 0.0331 | 2.1317 0.4691 |
| 10 | Eierstock 0.2306 | 0.0416 | 5.5404 0.1805 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0801 | 0.0251 | 3.1925 0.3132 |
| | Gastrointestinal 0.0881 | 0.1110 | 0.7938 1.2597 |
| | Gehirn 0.0606 | 0.0472 | 1.2834 0.7792 |
| 15 | Haematopoetisch 0.0094 | 0.0379 | 0.2470 4.0483 |
| | Haut 0.2166 | 0.0847 | 2.5559 0.3913 |
| | Hepatisch 0.0666 | 0.0259 | 2.5735 0.3886 |
| | Herz 0.1293 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hoden 0.0920 | 0.0468 | 1.9679 0.5082 |
| | Lunge 0.1226 | 0.0593 | 2.0672 0.4838 |
| 20 | Magen-Speiseroehre 0.0483 | 0.0920 | 0.5252 1.9040 |
| | Muskel-Skelett 0.2073 | 0.2700 | 0.7678 1.3024 |
| | Niere 0.1032 | 0.0068 | 15.0677 0.0664 |
| | Pankreas 0.0281 | 0.0663 | 0.4238 2.3596 |
| | Penis 0.1377 | 0.0267 | 5.1665 0.1936 |
| | Prostata 0.0479 | 0.0277 | 1.7323 0.5773 |
| 25 | Uterus_Endometrium 0.0878 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.1906 | 0.1494 | 1.2753 0.7841 |
| | Uterus_allgemein 0.3310 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.2782 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0981 | | |
| 30 | Samenblase 0.0356 | | |
| | Sinnesorgane 0.0353 | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | |
| | Zervix 0.1491 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.2783 |
| | Gastrointestinal 0.0833 |
| | Gehirn 0.0250 |
| 40 | Haematopoetisch 0.0275 |
| | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0889 |
| | Lunge 0.1012 |
| 45 | Nebenniere 0.1268 |
| | Niere 0.0432 |
| | Placenta 0.2969 |
| | Prostata 0.1496 |
| | Sinnesorgane 0.0502 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0544 |
| | Eierstock_n 0.7974 |
| | Eierstock_t 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0490 |
| | Foetal 0.0641 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0292 |
| | Hoden 0.0154 |
| | Lunge 0.0082 |
| | Nerven 0.0191 |
| | Prostata 0.0137 |
| 65 | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0125 |

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

QUERY: uen_2932156_37.fasta.ext

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|
| Blase | 0.2613 | 0.2147 | 1.2167 0.8219 | 5 |
| Brust | 0.2085 | 0.1767 | 1.1801 0.8474 | |
| Duenndarm | 0.1349 | 0.2150 | 0.6274 1.5939 | |
| Eierstock | 0.1587 | 0.1405 | 1.1299 0.8850 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.2146 | 0.1204 | 1.7830 0.5608 | |
| Gastrointestinal | 0.2088 | 0.1573 | 1.3278 0.7531 | |
| Gehirn | 0.1974 | 0.1776 | 1.1112 0.9000 | |
| Haematopoetisch | 0.1003 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0514 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0714 | 0.0906 | 0.7878 1.2693 | 15 |
| Herz | 0.2173 | 0.3574 | 0.6079 1.6450 | |
| Hoden | 0.0805 | 0.1169 | 0.6888 1.4519 | |
| Lunge | 0.1195 | 0.2433 | 0.4910 2.0368 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.1643 | 0.1150 | 1.4286 0.7000 | |
| Muskel-Skelett | 0.1422 | 0.2400 | 0.5925 1.6877 | 20 |
| Niere | 0.1385 | 0.2396 | 0.5778 1.7307 | |
| Pankreas | 0.1487 | 0.1767 | 0.8414 1.1886 | |
| Penis | 0.1347 | 0.0267 | 5.0542 0.1979 | |
| Prostata | 0.1831 | 0.2385 | 0.7677 1.3026 | |
| Uterus_Endometrium | 0.2973 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Uterus_Myometrium | 0.2134 | 0.1630 | 1.3093 0.7638 | |
| Uterus_allgemein | 0.2037 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.2430 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.1486 | | | 30 |
| Samenblase | 0.1958 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.2315 | | | |
| Zervix | 0.0745 | | | |

FOETUS

%Haeufigkeit

| | | | |
|-------------------|--------|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | |
| Gastrointestinal | 0.1250 | | |
| Gehirn | 0.0751 | | |
| Haematopoetisch | 0.1022 | | 40 |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0520 | | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.1174 | | |
| Lunge | 0.1806 | | |
| Nebenniere | 0.0761 | | |
| Niere | 0.1915 | | |
| Placenta | 0.2666 | | |
| Prostata | 0.0499 | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | 45 |

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

| | | | |
|-------------------|--------|--|----|
| Brust | 0.0000 | | |
| Eierstock_n | 0.4785 | | |
| Eierstock_t | 0.0456 | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0979 | | |
| Foetal | 0.0128 | | |
| Gastrointestinal | 0.0610 | | |
| Haematopoetisch | 0.0228 | | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | | 60 |
| Hoden | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0901 | | |
| Nerven | 0.0592 | | |
| Prostata | 0.3146 | | |
| Sinnesorgane | 0.0232 | | |
| Uterus_n | 0.0375 | | 65 |

QUERY: uen_3751007_1.fasta.ext

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N |
|----|-------------------------------|-----------------------|-------------------------------|
| 5 | Blase 0.1131 | 0.1534 | 0.7373 1.3563 |
| | Brust 0.1215 | 0.1165 | 1.0427 0.9590 |
| | Duenndarm 0.1594 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 10 | Eierstock 0.2935 | 0.1405 | 2.0893 0.4786 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0801 | 0.0928 | 0.8628 1.1590 |
| | Gastrointestinal 0.1379 | 0.1897 | 0.7273 1.3749 |
| | Gehirn 0.0495 | 0.1540 | 0.3216 3.1096 |
| | Haematopoetisch 0.1417 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| 15 | Haut 0.0991 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0333 | 0.2006 | 0.1660 6.0228 |
| | Herz 0.1304 | 0.1237 | 1.0537 0.9491 |
| | Hoden 0.0805 | 0.1520 | 0.5298 1.8874 |
| | Lunge 0.0800 | 0.1615 | 0.4952 2.0195 |
| 20 | Magen-Speiseroehre 0.0966 | 0.1303 | 0.7415 1.3486 |
| | Muskel-Skelett 0.0651 | 0.0540 | 1.2057 0.8294 |
| | Niere 0.0462 | 0.1643 | 0.2809 3.5604 |
| | Pankreas 0.0892 | 0.1325 | 0.6731 1.4857 |
| | Penis 0.1497 | 0.0800 | 1.8719 0.5342 |
| | Prostata 0.1286 | 0.1022 | 1.2582 0.7948 |
| 25 | Uterus_Endometrium 0.1824 | 0.0000 | undef 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.1677 | 0.1698 | 0.9876 1.0126 |
| | Uterus_allgemein 0.1222 | 0.0954 | 1.2810 0.7807 |
| | Brust-Hyperplasie 0.1599 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.2348 | | |
| 30 | Samenblase 0.3738 | | |
| | Sinnesorgane 0.0470 | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0642 | | |
| | Zervix 0.0852 | | |

| | FOETUS %Haeufigkeit |
|----|--------------------------|
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.2388 |
| | Gehirn 0.2377 |
| 40 | Haematopoetisch 0.1140 |
| | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefaesse 0.0996 |
| | Lunge 0.2348 |
| 45 | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.1668 |
| | Placenta 0.0364 |
| | Prostata 0.1995 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit |
|----|---|
| 50 | Brust 0.0000 |
| 55 | Eierstock_n 0.1595 |
| | Eierstock_t 0.0608 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0245 |
| | Foetal 0.0047 |
| | Gastrointestinal 0.0488 |
| | Haematopoetisch 0.1025 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0097 |
| | Hoden 0.0154 |
| | Lunge 0.0328 |
| | Nerven 0.0100 |
| | Prostata 0.0615 |
| 65 | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0042 |

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

5

10

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

15

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23, 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz 0 aus den assemblierten Sequenzen

20

Die Konsens-Sequenz 0 wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, 0 in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

25

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

30

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35

40

45

50

55

60

65

TABLE I

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe | Homolog zu / Identisch mit | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomal Lokalisation |
|-----------------|--|--|---------------------------------|---|--------------------------|
| 1 | 94.28 | Chicken mRNA for leucine zipper protein | 141 | 1780 | |
| 2 | 95.07 | unbekannt | 224 | 1637 | D5S470-D5S410 |
| 3 | 97.68 | unbekannt | 214 | 619 | |
| 4 | 95.07 | Brachydantio rero growth-associated protein | 198 | 422 | |
| 5 | 97.68 | unbekannt | 198 | 1194 | |
| 6 | 95.07 | unbekannt | 227 | 231 | |
| 7 | 97.68 | unbekannt | 230 | 1776 | DXS1201-DXS1039 |
| 8 | 92.05 | unbekannt | 226 | 1242 | D19S224-D19S421 |
| 9 | 95.07 | unbekannt | 165 | 553 | D1S305-D1S2635 |
| 10 | 95.07 | 3 Human PAC clone DJ5 5N1 from 22q11.2-q22 | 215 | 1246 | 22q11.2-q22 |
| 11 | 97.68 | Rattus norvegicus 71 kDa component of rsec68 secretory complex p71 | 245 | 1721 | |
| 12 | 95.07 | unbekannt | 125 | 1074 | |
| 13 | 95.07 | unbekannt | 194 | 194 | D1S305-D1S2635 |
| 14 | 95.07 | unbekannt | 218 | 218 | |
| 15 | 97.68 | S.pombe chromosome 1 cosmid c1B3 | 203 | 746 | D8S1836-qTel |
| 16 | 95.07 | Human angiopoietin-1 Homolog | 233 | 2784 | D9S282-D9S260 |
| 17 | 95.07 | Human DNA sequence from cosmid V8557G6, between markers DXS366 and DXS87 | 230 | 806 | DXS366 and DXS87 |
| 18 | 99.99 | S.cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610 | 302 | 1534 | |
| 19 | 95.07 | unbekannt | 287 | 807 | |
| 20 | 97.44 | unbekannt | 295 | 3389 | D4S1580-D4S427 |
| 21 | 98.91 | H.sapiens gene for spermidine/spermine N1-acetyltransferase | 222 | 1919 | |
| 22 | 96.97 | Human MHC protein homologous to chicken B complex protein | 238 | 280 | |
| 23 | 95.07 | Human 1-8U gene | 300 | 451 | |
| 24 | 97.68 | Human BTG1 | 280 | 1011 | |
| 25 | 95.07 | H.sapiens mRNA for HLA-E heavy chain | 178 | 302 | |
| 26 | 91.41 | Human ADP-ribosylation factor 1 | 257 | 1931 | |
| 27 | 94.28 | Human gas1 | 243 | 1464 | |
| 28 | 97.68 | Human cellular oncogene c-fos | 180 | 2103 | |
| 29 | 99.99 | Human apolipoprotein J | 121 | 975 | |
| 30 | 93.33 | Human high density lipoprotein binding protein (HBP) | 212 | 3061 | |
| 31 | 92.05 | Human gene for class II invariant gamma-chain | 199 | 1193 | |
| 32 | 99.71 | H.sapiens gene encoding ketohexokinase | 221 | 2592 | |

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe | Homolog zu / Identisch mit | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|--|--|---------------------------------|---|---------------------------|
| 33 | 99.76 | Human 80K-H protein (kinase C substrate) | 196 | 884 | |
| 34 | 95.74 | Human Insulinoma Gene | 192 | 493 | |
| 35 | 97.68 | Human alternatively spliced CUTL1 | 216 | 913 | |
| 36 | 97.68 | Human apM2 mRNA for GS2374 | 221 | 1917 | |
| 37 | 98.91 | Human mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog | 217 | 518 | |
| 38 | 95.07 | Human prostaglandin D synthase | 217 | 634 | |
| 39 | 98.64 | Human breast epithelial antigen BA46 | 209 | 2015 | |
| 40 | 97.14 | Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1) | 169 | 732 | |
| 41 | 95.07 | Human GTP-binding protein (rhoA) | 195 | 691 | |
| 42 | 94.28 | Human triosephosphate isomerase mRNA | 192 | 579 | |
| 43 | 98.91 | Human mRNA for phosphitin/casein kinase II beta subunit | 220 | 968 | |
| 44 | 99.57 | Human sapiens differentiation-dependent A4 protein | 223 | 1175 | |
| 45 | 97.68 | Human interferon-inducible protein 9-27 | 250 | 851 | |
| 46 | 99.89 | Human c-jun proto oncogene | 146 | 1049 | |
| 47 | 98.91 | Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67 | 282 | 1375 | |
| 48 | 90.63 | Human mRNA for actin-binding protein (filamin) | 273 | 2443 | |
| 49 | 99.99 | Human sapiens mRNA for sup5h | 209 | 2693 | |
| 50 | 95.07 | Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pi-1) | 310 | 877 | |
| 51 | 91.41 | Human CAPL protein | 299 | 548 | |
| 52 | 98.91 | beta-trypsinase | 275 | 1221 | |
| 53 | 99.89 | Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH) | 252 | 252 | |
| 54 | 97.68 | Human calyclin gene | 176 | 733 | |
| 55 | 97.68 | Human cathepsin D | 257 | 720 | |
| 56 | 96.44 | DNA sequence coding for human glutathione peroxidase | 301 | 2124 | |
| 57 | 98.41 | Human Csa-19 | 294 | 928 | |
| 58 | 90.63 | Human chondroitin/dermatan sulfate proteoglycan core protein | 195 | 297 | |
| 59 | 94.31 | Human heart mRNA for heat shock protein 90 | 266 | 1837 | |
| 60 | 92.05 | H. sapiens BBC1 | 111 | 1346 | |
| 61 | 99.22 | | | 251 | |
| 62 | 93.38 | | | | |

| DNA-Sequenz Seq. ID. NO | Peptid-Sequenzen (ORF's Seq. ID. NO) |
|----------------------------|---|
| 5 1 | 63 |
| | 64 |
| | 65 |
| 10 2 | 66 |
| | 67 |
| 15 3 | 68 |
| | 69 |
| | 70 |
| | 71 |
| 20 4 | 72 |
| 15 | 73 |
| | 74 |
| 25 5 | 75 |
| | 76 |
| | 77 |
| 20 6 | 78 |
| | 79 |
| | 80 |
| 7 | 81 |
| 25 8 | 82 |
| | 83 |
| | 84 |
| | 85 |
| 9 | 86 |
| | 87 |
| 30 | 88 |
| 10 | 89 |
| | 90 |
| | 91 |
| 35 11 | 92 |
| 35 | 93 |
| | 94 |
| 12 | 95 |
| | 96 |
| 13 | 97 |
| 40 | 98 |
| | 99 |
| 14 | 100 |
| | 101 |
| | 102 |
| 45 15 | 103 |
| | 104 |
| | 105 |
| 16 | 106 |
| | 107 |
| 50 17 | 108 |
| | 109 |
| 18 | 110 |
| | 111 |
| 19 | 112 |
| 55 | 113 |
| | 114 |
| 20 | 115 |
| | 116 |
| | 117 |
| 60 | |

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63-117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

5

10

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Uterusnormalgewebe

5 (iii) Anzahl der Sequenzen: 117

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

10 (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

| | | | | | | | |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| 45 | tccccccccg | gggcaacccc | cccatcgggc | ccccaaagcg | ctggggttac | agcctaagc | 60 |
| | caccaagccc | cgggccgaccc | tcttctattt | ttccattctc | ctttccaaag | ccatggccat | 120 |
| | gcgcctctgt | gtacagggtgc | ataaacacat | cagtgtgcoa | tccctcacat | gcatgtcggt | 180 |
| | ccccacccct | ccttccccagg | gcttctcttgc | gtccagcggt | tccctctggga | ccctctgcag | 240 |
| 50 | atacagcctg | tgctggaccc | ccagccaggg | tgaggggctca | ttctgcctcg | tcttccccac | 300 |
| | tgccctcagtt | tccccccaaaa | gctgccttca | cgtccttctca | gtagggggcc | tcccatgggg | 360 |
| | gcaaggatcc | cctttagat | tcaatcttgc | ctctttgggc | agttttggct | ttgagtcggcc | 420 |
| | cagggtatcg | ggtgagaatg | aagaagagct | cagtgagcgg | aatgacacga | gctgggtggg | 480 |
| | tgtgtgtgggg | agaggctgag | gggaaggcag | ctctaagact | gggagtgagg | ttccctggagg | 540 |
| 55 | tgtgggggagg | ggggcgtgtt | ttcaatttag | aaaaatctca | gccagctcga | gccgagagag | 600 |
| | aatgcgaaag | aggaagtctg | gaaggagcga | gaaatgggg | gggtggcgc | ggggggccgt | 660 |
| | cagttgtctgt | cgcttgcgtc | caccacgcacg | gggtccgact | cctcgtgtat | ctccagcagc | 720 |
| | gcgtgcacgt | cggggctgt | cccgccgcgc | aggctgcggg | cctccccccg | ctccgcggcc | 780 |
| 60 | ctccaccatc | tcgggtggct | tgagcacttc | cacctggccc | tcgggatct | tcttgacgtg | 840 |
| | gaaggtgaag | ggtggcacct | tgtagaccgc | ggtcttgag | cgcgcttaca | ccacgtggc | 900 |
| | gggcgtgaag | gatttgcga | acttgtcccg | cgacgtcttc | agtttctcgc | gcccgtcgcc | 960 |
| | gggcaccagg | cgcggtccca | gcttgttcat | gcttctcc | agggtgtgcc | gcttctctc | 1020 |
| | cagggtttcc | ttggtcttga | ggcgcgtctt | ctccaggttc | tcgcgggtac | gcaccttggt | 1080 |
| | cttctccatc | ttctccttgg | agaaggcctt | tttgaagtcg | tccacgcgc | gcaggccctg | 1140 |
| 65 | cgcttgatac | gtctcgccg | ggactcctca | ataacctctt | caacccctac | cgccctcgcc | 1200 |
| | gacgaaagct | ccagcgccgc | tgcgcttcc | tcggggccgt | cgccctcgcc | cagctccctcg | 1260 |
| | ccctctttct | ctggcagcgc | ctccgactct | ttcagcgatt | tgctgtatgt | cagtttgcc | 1320 |

```
ggcagcttca cttcatccgt gtagatcatg actttaaagt tggggcgccg ca>cagctcg1380  
gcctcggtga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg1440  
gtttcacgt tgacgctgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgtct1500  
gtggtggcggt ggcgcctggcc cagcttgctc agctcgccct ggatgtctg cactgcgc1560  
tccatctccg cctggcgctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc1620  
ccgatgattt tgcgcggag gtcgcggacc agcacggcg tcaacctggtc cgacttgatc1680  
agctttctg agccggccccc cgacggctcc tccgtctgcct gagccccagc ggaggaagct1740  
ccggggcgctc ggcgatcggtt gtacccgggc aagcgccgc 1780
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1637 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SFNSE·NF1N

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(A) ORGANIC
(C) ORGANIC

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

ggggaggggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcaactggcc tgaccatccg 60
gctccctggg caccaaagtcc caggcaggag cagctgttt ccatcccttc ccagacaagc 120
tctatttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccaagg ccagctcaag gtgtcccaact 180
atcccctctg gaggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
ccatcccaagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
gtgattttcc tttaggcccag gacttgggc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
gactttacct gattgccctc agtttgggt tgcttatttg gaaagagaga gacaaagagt 480
tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcagg 540
gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
attaggaagt cgggggtggg tggtggtgtt gggctagttt ggtttaatt tagggccga 660
tgagcttggg tacgtgagca ggggtttaag tttagggtctg cctgtatttc tggtccctt 720
ggaaatgtcc cctfcttcag tgcagacct cagtcggcag tgcacatatcg tgcccagaaa 780
agtagacatt atccgtcccc atcccttcccc cagtgcaact tgaccctagct agtgcctgg 840
gcccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gcccctcaact gttccctaaa ctttgggtgc 900
tgtgatttcag gtccccaggg gggactcagg gaggaaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
gagttggctg gttagccctt cttagaggttc agaatatattag cttagggatc agctgggggt1020
atggaaattgg ctgaggatca aacgtatgtt ggtgaaagga taccaggatg ttgtctaaagg1080
tgaggccagc ttgggttttgg gggacttaccg gggtgatgtt agatctggaa ccccaagtg1140
aggctggagg gagttaaagggtt ctatggaa gatagggtt ggcacagggtg ctggatgt1200
aaagagtgtac cttagagggc tccttggcc tcaaggatgc tcctgtgtt gtaagatgt1260
aaagggtgtc ttactcagtt aatgtatgtt gactatattt accaaaagccc ctacctgtgt1320
ctgggtccct ttagcagatcag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaaggaa agggacacca1380
tcaggccctt ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgtcat ttcccaaggagg1440
actaagtcaggaa ggcagccctt aqaaacccggc agttcccaag ccagccctg gctgttctct1500

cattgtcaact gccctctccc caaccctctcc tctaaaaaccac tagagactgc. ctgtgtcctg1560
 cctctgcct ctgttagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg1620
 caaaaaaaaaa aatttgc 1637

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

cggctcgagg tgccccctggg aaccccccaga atcagagcct cccatgcccgc tcggtgaccc 60
 cccagagaag aggcggggggc tgtacctcac agtccccccag tgtccctctgg agaaaccagg120
 40 gtccccctca gccacccctg ccccaggggg tggtgccat gaccccggtgt agctcggggc180
 ttggtgccgc ccaacggctt gcccctgggg tctggggggc ccgtctgggg ggagggcccag240
 gcaaaaaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgta gcagaaaggc ccggggagga300
 tgacggccca gggccctggg ctctgcccag cgaaggagg tagctgccgg gccccacgag360
 cctccatccg ttctgggtcg gttttctccg agtttgcata ccagccggagg ctgtcgggc420
 aactgggtca gcctcccgcc agggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc480
 45 gccagagagg ggaagggtacc aggttgcgtc ctttccggcc ccgcgttgtt acaggacact540
 cgctgggggc cctgtccct tgccggccgc aggttgcgc caccgcggcc caatgtcacc600
 ttccccagaag cgtccctgtg 619

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

tcgtccaaaa catccggat cccccaaggc cccagaccaa cctccgtcgc tttgccctg 60
 ggaacaccga ggcctcgac ttggggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg 120
 aaactgggc tcagagaggta gaagtacctg gcccaggcc acacagccag aatctccac 180
 ttgactcaga tcaagaaagt caggaagcaa gacttccaga aagaggcaca gcacttccga 240
 ctgctcgctg gccccacga aggtcactgg aacgtcttcc tagcccgac cctggagctg 300
 aaggtcacgg ccagtccaga caaaatgacc aagacataac aaagaccta aagttccaga 360
 tatgagctgt ataattgtt ttattatata ttaataata agaagttca ttaccctcaa 420
 aa 422

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

cggctcgagg tgccctggg aaccccaaga atcagagcct cccatgccc tcggtgaccc 60
 cccagagaag aggcgggggc tgtacctac agtccccag tgcctctgg agaaaccagg 120
 gtccccctca gccacccctg ccccaagggg tggtcagat gacccctgt agctcggg 180
 ttggtccgc ccacggctt ggccctggg tctggggcc cgcgtgggt ggaggcccag 240
 gcagaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc cgggggagga 300
 tgacggccca gcccctgggt ctctgcccag cgaagaggag tagctcccg gccccacgag 360
 cctccatccg ttctggttcg gtttctccg agtttgcata ccagccgagg ctgtcgggc 420
 aactgggtca gcctcccgta aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc 480
 gccagagagg ggaagggtacc aggttgcgtc ctggcggcc cgcgttgggt acaggacact 540
 cgcgtggggc cctgtccctc tgccggccgc aggtgcgtc caccgcggcc caatgtcacc 600
 ttcaactcaca gtcgtgggtc ttgtccgcct gtcacgcctt caccacccctc cccttcacgc 660
 caccacccctt tcgggtccgc tcgggcctt ccagaagegt ctcgtactc tgggagagg 720
 gacacccatcataaaggggccg accccatgaa gtaacgcgc cggcccccgt gcaatcagg 780
 ctcacccatcatacgtggggc gttggccgcg agatccat tgacacccctt gtttcgtgt 840

5 cttttaaatt caggtaaat gttcaataa tctgtcgag aqactcq 900
agagggaggg ggccgacgga ataaataga acttattaa gaaatgcact tggattcctg 960
ccatcagtca ggggccccggg agggagtaacc atccgcagat gggcagca ggcacttggc1020
cagcaggaca caggagacta cagaaggaa gaggccggg aggaagaagc cagccaggag1080
ggggagccctg gggtaacccag actctgagcc ccctgtcg 9tgcgtggc ggcggatccal140
gttacgtac gcagggacac gagttagac tccccggct gttggggcgg tcgc 1194

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

40 gcctgtatgag agccacttgg gttaaagaaac tacctgtgaa tagtcatcat ttctgtccctt 60
cattgggaa tactttaga ggccagttc caaaaattct gctaaaaaa gaattctgg 120
tttgccttac tcttccagat gagatatcac agaggcttgg gccttagattt tcacatcagcat 180
actgtatac tattcgttt ttcttattaa gccttattgt gtgtatgtc g 231

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cggcaggcag ccatcttgcc tggagctga gaaagggagg agagacagaaa ggaaccggcg 60
 acagtggctc caggggccgt cggggggggcc tcaagaaccc gggccggccc cggaggctgc 120
 cgcggccgga cacgcggcagag gaggaggccg gggatggcc ggggtgtggc agcaagtctt 180
 agcagtggac gcgaggtaca acgcgttaccc cacaccaacg tttccacagt ttccggacgca 240
 gtatatccgc cggccacca gctgtcgcc gagaatgcca aggctggca ccccccacgc 300
 ctgcgtccgc agtacacgtg gcttggggg cagctgtgg gccagcgcta cggggccctc 360
 tccgagccag gcaatgtctcg tgcctatacg aacagcatcg tccgcgttag cccgactact 420
 ctggaccgca tggaggactt tgaggatgt ccttggggcc tggggggcccg tgggcaccgt 480
 cgttctgtca gcaagggctc ctaccatgtc caggccgaga tgaaccgtgc cgtctatgag 540
 gacagggccc ctggcagctg ggtgcccacg tcagcagcag aggcaagtctg ggcacatggcc 600
 gggggacacgt cactgagcga gaactatgcc tttgcgggca ttttatcatgt ttttgcaccag 660
 cacgtggatg aggcaatccc aagggtgcgc ttcccaatg atgaccgaca cccgcctggcc 720
 tgctgtcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgcctggccc acccacagt 780
 cttcgcgtgc tacggggcca caccctggt gtctccgact tcgcctggc cctctccaaat 840
 gacatctctcg tgcctaccc actggatgcc accatgcgc tctggggccctc tgaggatgg 900
 cgctgcattcc gagagatccc tgaccccgat agcgtgaac tgctctgtc caccttccag 960
 cctgtcaaca acaacactac tgggtgggg aacggcaagc acaacgtgca tgtcatgaac 1020
 atctccacag gcaagaaaatg gaaaggggggc tccagcaagc tgacaggccg tgccttgct 1080
 ctgtcctttg atgccccctgg cccgctgctc tgggggggtg atgaccgtgg cagtgtttc 1140
 tctttctctt ttgatatggc cacagggaaatg ctgacccaaatg ccaagcggtt ggtgggtcat 1200
 gagggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cggccctggg tcagccgcga gggccgggat 1260
 ccctcaactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagtgtctgc tctacagggt ggtagacaac 1320
 gagggggaccc tgcagctgaa gagaagcttc cccatcgagc agagctcaca tcctgtgcgc 1380
 agatcttctg tccctcatg tccttcggcc agggggccctg cgtggtgacg ggcagtgg 1440
 acatgtgcgt gcaactcttt gatgtggagc gggccggccaa ggctgtgtc aacaagctgc 1500
 agggccacag tgcacactgtg ctgtatgtca gtttcaactg cgacgagagc ctactggct 1560
 ccagtgacgc cagccggcatg gtcatgtct ggaggccggga gcagaagtag ggtcctgtcg 1620
 gcccctgtgc tgcctccat cccacccctc ttactccage ctcgtgttgg aaataaaatg 1680
 tcgggtgtca tgcgtggggc cggcccccag ctctggccggg gacggacagg gcaagggca 1740
 gggggcagct ccaagaaacac ggtaaaaaaa aaaaaa 1776

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1242 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

| | |
|----|---|
| 10 | ccccggacaa ggccgagtagc tgcaatcccc catggcgccta atacaggggcc ctgaacgcct · 60 tgcggcgtgc cctgaatta aagtccctt tcaacgcctt tgcgtggcga gaagcgaact 120 ttgagcccccc agagacctga cccaacaccc cgcacggcct ccaggagggg cctgggcagc 180 cccacagtc cattcctcca ctctgtatct atgcaaaagcga ctctctgcag tcctccgggg 240 tgggtgggtg ggcaggggagg ggctggggca ggctctctcc tctctctt tgggtgggttgg 300 ccaggagggtt ccccccgcacca gggtggggag acttggggcc agcgcttctg gtctggtaaa 360 tatgtatgtat gtgttgcgt ttttaacca aggagggggcc agtggattcc cacagcacaa 420 ccggtccctt ccatgcctg ggatgcctca ccacacccag gtctcttcct ttgctctgag 480 |
| 15 | gtcccttcaa ggctcccca atccaggcca aagccccatg tgccctgtcc aggaactgcc 540 tgggcatgc gagggggccag cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggaccaccc 600 agcccccttc ccctctctgc tccagactca ctggccattt ccaggagatg gcccccaacaa 660 gcaccccgct ttgcagcag aggagctgag ttggcagacc gggcccccctt gaaccgcacc 720 20 ccaccccccacc agccccggcc ttgccttgc tggcctcacc tgctcagat ttcttaagaa 780 ccaaaaaaaaaaa aaaaaggaaa aaaaacacaa aacaacaaaa accaaaaaaaaaaaatca 840 caaaaaacaaa aaaaactataa aaaaagaaaaga attaaaaactt tcagagaat tactatttc 900 tttattaaact tacggattta ttatataaat atatattcac ctgcacacat atctctgccc 960 25 tctctccctgc tctcataatg aagacatagc cgattctctg cccggggccccc ttgctgtgc1020 tcctccgggt ctgcgtcggg cgtgggtctc tggggaccct ccagagggtgg aggtgggtctg1080 atggcctggc tgccctgggg ttgtatggttt tgctccccctt acctttttt ttttagttt1140 ttctgattga tttttttctt tggtttctgg ataaaccacc ctctggggac aggataataa1200 aacatgtaat attttaaga agggaaaaaaa aaaaaaaaaaa aa 1242 |

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 553 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

60 aagcgctgac gcatgcgcac agctaaccgc acccggttca gtcgccttt cttggccaga 60
ggcgccgtt ggactcacgg gcggggcatg atgggtgtgg gtacgggac ctcgcgtggc120
ctctccccc tcctgtccct gctgcttt gctggatgc agatgtacag ccgtcaagtcg180
gcctccaccc agtggctcac catccaggc gcctgttgc gttcgggtct cttcgtgttc240
65 tcgctcaactg ccttcaataa tctggagaat ctgtctttt gcaaaggatt ccaagcaag300
atcttccctg agattctct gtgcctctg ttggctctt ttgcattgg cctcatccac360
cgagtctgtc tcaccaccc ttcatcttc tccatgggtt gtctgtacta catcaacaag420

atctcctcca ccctgtacca ggcagcagct ccagtcctca caccagccaa ggtcacaa5gc480
 aagagcaaga agagaaactg accctgaatg ttcaataaaag ttgatttc5t yaaaaaaaaa540
 aaaaaaaaaa aaaa 553

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

35

aaaaaaaaacagc tcgcgtgca caaaagataga cggggagctc ccccaaggctc ctctgtgctt 60
 tactaagatg gcctcagtct ccactgtggg cttgagtggc atacactgtt attcatggtt 120
 aaggtaaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatataat ttagttttta aaatatttgg 180
 gatggaaactc cctactgacc tctgagaact ggaaacgcgt ttgtacagaa gtcagaactt 240
 tgggttggga atgagatcta ggttgtggct gctggtatgc ttcagcttgc tggcaatgtat 300
 gtgccttgac aaccgtgggc cagggctggg cccagggact cttccctgtt cataaggaaa 360
 ggaagaattt cactgagcat tccactttagg aagaggatag agaaggatct gctccgcctt 420
 tggccacagg agcagaggca gacctgggat gcccagttt ctcttcaggg atggatagt 480
 acctgtcttc accttgacca ggttaagagag tagttagcta acctatggga attatactgt 540
 ggggcattgt gactgtttc taagaggcta accttggaaac taagctcaga ggcaaggtaa 600
 taaagcactt cagggttgc tccccaaatg ggcctgattt agcaggtggg cctgcgggct 660
 tccaggtcag cacccctcg tagggcaactg gggctagggt cacagccct aactcataaa 720
 gcaatcaaag aaccattaga aagggctcat taagctttt ggacacagga ccccagagag 780
 gaaaaagtga cttgccccaaag gtcgtaaaca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
 tgacggagcg caacatttct ccactgcaact gtgtctggcact ctcagcaggg cctcttaacct 900
 gtgatgtcac actcaagagg cttggcagc tcctagccat agagcttccct ttccagaacc 960
 cttccactgc ccaatgtggc gacagggtt agtggggctt tctatggagc catctgctt 1020
 ggggacctag acctcagggtg gtcttgggt gtttagtgc ctggagaaga gaatattact 1080
 ggtttctact ttctataaa ggcatttctc tatatacatg ttttatataac ctcattctga 1140
 cacctgcata tagtgtggaa aattgtctg catttgactt attaaaaaaaaaaaaaaaaaag 1200
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1246

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

25 cgacaatatt octacagttg tatgggtggc atgtggcaa tttgtatgt agccaatat 60
 aggaagtgtg ccaaagactt caagatcca atgttattac atcttttga tactctgcat 120
 gctcttgcata atcttctggat agttgcggca gataattttaa agcaagtctg ctcaggagaa 180
 caacttgcata atctggaccaa gaataactt cactccttcg tacaacttgc tgctgattat 240
 agatctggccgc ccttgcgtc acacttcgc tgagattgaa ttacaaagg aattcagtgt 300
 30 cagttcctt acagaggaat gtcttatact tcagcagcccc tcgggtgata gaaaggcacag 360
 gagatacctt atgacacagc caacattttg tgaaaacaatg actggaaacaa aacagcagcc 420
 atacttacct ttgaggtttt atttaaagtt tggataccac tagctatatt ttgccttttt 480
 cccctcacat tgaattttaa ttccattctt gaatgttagaa atttcagatt ctctaaaact 540
 acatgtcaact gtttttatcc tagaaaatgt tgctgtcaga aggccaaaggaa aatgttacca 600
 35 gtgtttcgg ttcttgcact tttacatata tccatttgcata aattttgcata ttctgttttc 660
 cattaataat aggtgaaata caggaaaactt acattttgttta ttccctcagg tttaatgacc 720
 tttcagcat caatttgcata tcagattatt ttaggttttc gtaaaaattt tttttgcctc 780
 tttcaaaagg ttaacaatttta agcataactt ctgcagttgg ttgattggat tttttctga 840
 40 ggtacagcat taataactgtt ccaaaaaatgt tcataaaactg aactaaaaatgt atgaactatt 900
 ttatgttagac attaggagtg gatcggaaata cttctgcattt ctgggtaaaaa cttaaaagtt 960
 tactattttt tattttgttaa atagattttt agccaatttct agtaagaaat taataaaaact1020
 accttattttt gtatttcact taagggtggag gacccttactt aaaggaccat atttattcat1080
 tatttttaata ttataaggga agtaaaaaaaa agtgaggat agtctaaatg gtgcataatg1140
 45 gaaataactga cagtgttttag caacatgcag ccctttgaga ttctgtcgt aatgctaaac1200
 ttgaataaga tggaatggctt gaacatgtgg tttagtctttt attttaagaa gaattgaga1260
 ttgatagatt tggagatggat ctttgcataaag gctgtttgtt tttcatgtct ataggctgt1320
 catttcctt ttccaaagca ttctgcataa ttttttttactt tggatataatg taatggaaat1380
 ggcttaattt gatgcataaa taaatcactt ataaaattttt aatatcaag tgaaaattta1440
 50 gaaaggccat tactattcttataaaacctttaaaacttgc tgggagaatg cattctaaat1500
 tataatagttt gtttcagtc ccattgtgggtt gttcatagtc ttcttaggaac agataaaactt1560
 aagtattcaa ttcaactcttggc ggcattttttt cccggaggcc cccctttttt gccgattttt1620
 gggaaaacctt gctttcttc tgaggaacctt tattttgtttt gttcatccac ttacccaaat1680
 ccgttctaag gtccagaggc taaccgaggtt actgggttag g 1721

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1074 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5 gttcagctcg cgtttggcggc ccagaagagc cggttgggct cagggggggg gcatgatgg 60
 ggtgggtacg ggcacctcg tggcgcttc ctccctctg tccctgctgc tctttgctgg 120
 gatgggggtg tgcggccgtc cgctggcctc cgggggtgg ctgcgggtcc gggggggct 180
 gttgggttcg ggtc 194

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

40 cttgggtacg tgagcagggt gttaagttag ggtctgcctg tatttctgg tcccttggg 60
 atgtccccctt cttcagtgtc agagctcagt gccagtgtgc atatggtgcc cagaggagta 120
 gacatgtgc tggcccaagcc ctgccccagt ggcgtctgag ctagcttagt cctggggccc 180
 agtgacactgg gggagcctgg ctgcaggccc tcactgg 218

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

5
 gccgagtcgc tgaccgagcg caccggcccc cggcgccat cttcccgacc gcgagccg 60
 caggctctcg tgctgtgccc ccccccagagc ctagaggatg tttcatggg tcccagccac 120
 gccggcata ggagccccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtaca 180
 gaacccccgg gagagggaga agtacgacaa catgcagag ctgtttgcg tggtaagac 240
 aatcaagcc ctggagaagg cctacatcaa ggactgtgtc tccccccagcg agtacactgc 300
 agcctgctcc cgctcttgg tccaaatacaa agctgccttc aggccaggatc agggctcaga 360
 aatcagctct attgacgaat tctgcccaca gttccgcctg gactgcccgc tggccatgg 420
 gcggatcaag gaggaccggc ccatcaccat caaggacgac aagggaacc tcaaccgctg 480
 catcgacatc gtggcttcgc tcttcatcac ggtcatggac aagctgcgc tggagattcc 540
 gcccattggg tgagatccag cccgaccctgc gagagctgtat ggagaccatg caccgcattga 600
 gcccacccccc acccgacttt gaggccgc agacggctag ccagtggctg cagaccctg 660
 gcccattggc ggcgtcagat gagctggacg actcacaggt gcccagatg ctgttcgacg 720
 tggagtcagg tacaaagctt aacgct 746 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2784 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

40
 45
 50
 55
 cagagctgggt ggaggtggag gtcagtattt tgagcgaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
 gcccacat gaactcgccg gtcacgcgc tctacatgca gctcctgcac gagatcatcc 120
 gcaagcggga caacgcgttg gagctctccc agctggagaa caggatccctg aaccagacag 180
 ccgacatgtc gcagctggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagtac cagcacctgg 240
 ccacactggc ccacaaaccaa tcagagatca tcgcgcaggat gaggagact gcccaggggt 300
 gcccctggcc aggccccgtcc cccagccacc ccccgctgcc cccggggggg tctaccaacc 360
 acccaccctac aaccgcatac tcaaccatg ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
 cctgaaggtg ctgcaccccc ctctgcccac tatgcccact ctacccagcc tcccatcttc 480
 caccgacaag cctgcggggcc catggagaga ctgcctgcag gcccctggagg atggccacga 540
 caccagctcc atctacatgg tgaagccgga gaacaccaac cgccctcatgc aggtgtgggt 600 65

cgaccagaga caccgaccccg ggggctggac cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
 taacttcttc aggaactggg agacgtacaa gcaagggtt gggAACATTG acggcgaata 720
 ctggctggc ctggagaaca tttaactggct gacgaaacca ggcactaca aactccctgg 780
 5 gaccatggag gactgggtccg gcccggaaacttgcagaa tacggccagtt tccgcctgg 840
 acctgagagc gaggattata agctgcggct ggggcgtac catggcaatg cgggtgactc 900
 ctttacatgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agatgatcatg atgtctcac 960
 aggaactgt gcccactacc agaaggggagg ctgggttat aacgcctgtg cccactccaa 1020
 10 cctcaacggg gtcgttacc gcccggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtc 1080
 ctggctgag ttccgaggag gctttaactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc 1140
 gaaccccaac accttccact aagccagtc cccctctga cctctcg 1200
 gagcccaccc tggtcacgct ggcacagca caaagaacaa ctccctcacc 1260
 aggctggag gaccgggatg ctggattctg ttttccgaag tcaactgcagc gatgatgg 1320
 15 actgaatcga tacgggttt tctgtccctc ctactttctt tcacaccaga cagccctca 1380
 tgcctccagg acaggacagg actacagaca actctttctt taaataaaatt aagtctctac 1440
 aataaaaaca caactgc 1500
 aactttcat aatatacatg tgcgttgc 1560
 acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatataca tcacatgtga tatatcttag 1560
 tccatataata ggttgcctt agataccaa atacacatattt attcagttct cagatgttgc 1620
 20 agctgtcacc agcagcttgc ctcttaggaa aaaagcattt cattagttgtt gtattacttg 1680
 agtctaagg tagatcacag actgtgtgtt ctcaactgaa aggatcaccc ttggcatctg 1740
 tgcctgga ttcttcaga atgtctacaa tgctaatctc tcacatagag gttcccagct 1800
 tcttaagaac ccctttggc acctaataa atttcaaaat ccctcccccc acattttcat 1860
 actttcccc attctcagga cttttcacca tccatcaccc acttatccct tcatttgcac 1920
 25 ccattcatta agtgccttct gtgtgtcagt ccctggccac tcactgcagt tcaaggccc 1980
 ctccctgc tgcgttactc ctgccttacc tactccttgc ctccctgtc gcacagcccc 2040
 ttcttccag gcgagattcc tcagttctg agtaggaaac actccgggct ccagggttct 2100
 ggttggaaag ggaaggccag gccaaagct ccacccggccg tata 2160
 ttttgcattt tccattcata cttaaccta caggcattt ggttgcac acaaataata 2220
 30 acctatctgg ccaggagaat tatctcaga cagaactcatc gagatcatca gagcccc 2280
 atggctaccc accagagatt ccacgccttc aggctgacta ggttgcac tcacatcc 2340
 aactacact ccctggagaa caagtgcacca aaaaatggaa acaggccact tctcaggagt 2400
 tgaataatca ggggtcaccg gacccttgg ttgtgcact gacgcattt ggcttctga 2460
 gtcctgtgg ccaccaagtg tcacgccttgc cactccccc actattgcca agaaggggca 2520
 35 agggatgagt caagaagggtg agaccctcc cggggccac gtggccagg ctgtgtgaga 2580
 tggatgtt ttgttactgtt ccacgttgcgtt attacctcgtt catttctcac 2640
 aaagtgtacc atgttagcatg ttttgcatttataaaaaggga gggttttttt aaaaatata 2700
 tccagatta tccatttgcattt gacacgatc tgcaataaaa gccatcagtg ctatggat 2760
 40 gtatctaaaa aaaaaaaaaaaa aaaa 2784

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 806 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

agcaaaacag gagaggagga aagatcagag agagaggaa aaccagagat agaggaaaag 60
 ccagagagt aaggagagcc agggagtcaa acaagggtcg cagaaagcg cccagctgag120
 gatgtatgtac ccagaaaagc caaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctaag180
 gatataaag aggcataca tgatataat ttacgcaatg aggacatgt aagagaatt240
 gacaatatagg ctaaggtgca ggatgagaag agaaaaagca aacagaaaatt gggggcgtt300
 ttgtgatgc aaagaaaattt acaggaccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg360
 ggtggctgca gggccccacg aaggacatt gaagacattt cttatgtta gtgtccctgg420
 caggcattt ccaggccatg tgcttaacg ttacggtat actttactt aggcatccct480
 ccttgtgcta gcagcccttt gacctatctg caatgcagt ttctcagtag gaaatgtca540
 tctgttacat gaaaaaaatg ttgatgtgc attgtaaaat taaaaaaacac aacttgcaga600
 accaaatata tgcatcgt acatttttt aaaaactacaa agatacttac ctgtataat660
 agtataaaaa acaattctga aagctgtgc cactaaaaa ttaacagtgg ttatctctgg720
 gtgaatttt cgggttcctt ttgggtcat ctgtccagtt ttcccccaaa acagagttcc780
 ttagtcgtaa aatattaaat ttgaag 806

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 534 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 30
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

taccttgc aagatggcg caggaggcag tggcggtgg gggaaagcgca gtcgaaaagc 60
 gatgccgatt ctggttccct ggggctgcgg cccacttcgg tggacccagc gctgaggcg 120
 cggcggcgag gccccaaatg taagaagcgcc ggctggcgcc ggcttgcctca ggagccctg 180
 gggctggagg ttgaccagtt ccttggaaatc gtgcggctac aggagcgac gacgggtggc 240
 ttgttgtcag agggcccaaa tgaaaaactc ttcttgcgtt acactggctc caagaaaaaa 300
 gggctgacaa agaagagaac caaaatccag aagaatgcac tgcttctcaa gaaacccttt 360
 cgggttgacc tcatcctcga gaacacatcc aaagtccctg cccccaaaga cgtcctcgcc 420
 caccagggtcc ccaacgccaa gaagctcagg cggaggagc agctatggga gaagctggcc 480
 aacgcggcg: agctgcccccg ggaggtgcgc agggcccagg cccggctctt caacccttct 540
 gcaacaaggc ccaagcccg gccccaggac accgttaggc ggccttctca cgacctctgg 600
 gcttcagaca accccctggc caggccgtt gttggccagg atgatgtttt cctggagcag 660
 accaagaaga aaggatgtaa gccggccagca cgcctgcaca ccaagccgtc ccaggccccc 720
 gccgtggagg tggcgctgc cggagcttc tacaatccat ccttgcataa ccaccagacc 780
 ctgtctcag cggccccacga ggtggagttt cagcggcaga aggaggcgga gaagctggag 840
 cggcagtggc cttcccccc acggagcagg cccgcacca gggatccaca ttccaggagc 900

5 tttgtgcgaggg gctgctggag gagtcggatg gtgaggggja gccaaggccaa ggcgaggggc 960
 cggagggtgg gatgcccagg tctgtccac gcccggcgc cggccacca cagagaagaal020
 gacggagcag cagccggcggc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcgggtac agcaggccgc1080
 gttggggcc gccccgtcc ggcaccagga gctgtccgg ctgcggcggga tcaaggccca1140
 ggtggccctg aggtggcgg gactggcgcg gccggcggagg cggcggcagg cgcggcggal200
 ggctgaggct gacaaggcccc gaaggctggg acggctcaag taccaggcac ctgacatcga1260
 cgtcagctg agtcggagc tgacagactc gctcaggacc ctgaagcccc agggcaacat1320
 cttcggagac cggttcaga gcttccagag gaggaaatag atcgagcctc gagagagagc1380
 10 caagtcaaa cgcagaatcaca aggtgaagct ggtggagaag cgggcgttcc gtgagatcca1440
 gtttagctg ccatcagatg ccggagactc gcccctcaat aaaaaatctc ttctagctga1500
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aata 1534

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

45 tttgagggtta atgcaacttc ttattttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60
 atctgcaact gtaggtctt tggtatgtct tggtacttt gtctggactg gccgtgacct120
 tcagctccag ggtctggct aggaagacgt tccagtgacc ttcgtggggg ccagcgagca180
 gtcggaaatg ctgtgcctct ttctggaaatg cttgtttctt gactttctt atctgagtca240
 agtggaaatg tccttttacc agcttccaga ggtgatctc caccaggcc gaggcctcgt300
 50 gttccaggcc aaagcgacgc aggttgcgtg ggccttggg gataccgatg tgggacgag360
 gacccggccc ggtgccttgg gacacctgtt agaactgatc tcaactgtggc cagggctgc420
 tttgttctct gggcaaatct tgcagcactt cccagccact ttctcggggt gacggcagg480
 gtactcggtg ggacagggtca cacgctggca gtcctggcgg ccacccctcac aggtgcata540
 gatgcaggcc aaggggccga aggacacggaa ggcgggtgc cacacccc cgtggagta600
 55 cgtctcccg ccacatgcacac aggctttttt atgtttctcc ttcaggacga tcttgacagt660
 tggctgcct gtccttttgg gtctgaatgt gcgagggtata aagctcagag gggcgctgag720
 gccagtgccc gctgggggtcg accgggcctc tctttctccc aggtatggatg ggaacaggga780
 tgctgagggt gtcataagccg gtgggag 807

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

25

ctccccacaac aatttcatttgg ttgttagcat atctattttctt ccatacatttgg taaaactgttta 60
atcccttaggt attttctaaaaa cataaaaggagg agaattaagt cagctgcaga acaatggggc 120
tgattttcttctt gttttttcttctt tgaaaaatctt ttcatgtttt ttgtgtggaaa ttacatctttaga 180
ggttacaacc acaggatgtt gcttggcttc ttatgttgc ttgtgtggaaa ccaatataaga 240
ttaatacagg ataaaggaaa aaagcaatctt attcattata taacacatgtt gtttgttata 300
cttggccctt gcaaaaggaaa tctgttgaat gcttgcattt tgaattctttt tctaaatagaaa 360
caaccaaaaaa aggcttctta tggtgccatca ggaaaaaaaga tcattttttat agctttgcattt 420
tcttaacata gcattttaaag agcggcatgtt attagaggaa agacatggaa cacacaggtt 480
gtcgggttga gatcatcgcc ttaaaatgtt ccttagatgg taatgaccatca gaagtatttc 540
cagttgtctt gttgtgtgtt atgcaggat gagaagtgtt ttctttccat ttccctgttgg 600
acagggtggca atcttagcag agccactattt tggaggatgtt aactaaagat gcaaaataaca 660
tgactatgttcc ttctggctcat ccttagactt tttggagttc tccaaaacatc ttgttggaggc 720
atgtcaggca tgcgtttaaaa gcatctacaa cttcagctgg gcaactggcag cataggttctt 780
atcttgacc atacagtccc actttataga agaggggttga agttcttccaa aacaatatacc 840
acaacaaatgtt ctgacccatc tctgaggggag atggaaatgtt ggaggaaagaa ggactaaacca 900
gtcccttggaa gtaagaggaa ttgttccatcc ctgttgcacc accaggggtt atatgttgcac 960
cctttcaatgtt tggggccaaag gaagtgtatgtt cttcaatctt agtgggttttgc ctttagctgtt 1020
agacgttcaggc ctccctccca tggggatcat tttcaatctt agtgggttttgc ctttagctgtt 1080
gttgggttta gcttggatgg tttggccgtt gtttatgttgc ttgttggagg cagttttgtt 1140
ttagtttttta ggacttttgc ttttcccttgc tcctttagcat aattttctttagg cagagcatcc 1200
acgaagtcttgg ttttcatttgc cagctcaaga ggcacatca ttacatgttgc cctatgttat 1260
gttaggttgc ttatgttat tttcccaat ccactgcattt gttttaataac aggcactgg 1320
atataaatgtt aaaaaggatcat tacagtcaat gactttctgc aggacctttaa acattttctt 1380
ttccacaatgtt ttccctttaa tcatgttgc tttcccttgc cttgacggga atgttgcgtt 1440
ataatgtatc tgcataacgc ttgggattttt aggaggaaagg aaggttccat ggacatgtaa 1500
gtacagcata ttcccttcag ttttcttagg gggcagatgtt aatcccagaa ctggtaagat 1560
tggaaatctt agcatttgcctt tttaatctt agaatattttt tcatgttgc acatcctgtt 1620
tttttagagat gaaaacaaac acagtttctt cattgttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 1680
aacgtttttt gtaagacaca ttgggttttgc ttttgcgtt cattcttagat cttgtcaaaac ttgttacttc 1740
aaaatataattt tagtatgtt gtttaggttgc acatataatca aggttttttttgc ttaactgttt 1800
tatttatattt tcacaagaag cacttattttt agccatagttt aaaaaatctt gagctaca 1860
tagttcttta aaataagccc aggttattttt tcatgttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 1920
gaaggcaggca ttgttggatca gcttggatca atcacatgc ctttttttttgc ctttgcgtt 1980
aagagtccaca tcttggatgtt ctttttttttgc aaaaaaaaatctt gagctaca 2040
ggggtagact aacgtatgtt gtttgcgtt ctttttttttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 2100
tgaaggatcat tcggctgc ttttgcgtt ctttttttttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 2160
acccttccaa gggccatgc ttttgcgtt ctttttttttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 2220
aataaaaggcc ctttttttttgc ttttgcgtt ctttttttttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 2280
ccccccattttt aagggttgc ttttgcgtt ctttttttttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 2340
agcaggcagg gcatgttgc ttttgcgtt ctttttttttgc ttttgcgtt gtttgcgtt 2400

30

35

40

45

50

55

60

65

aaatgcttaa aatgcttcta gagggaaagtc gtggggcgtg tgctcattct ctttaaaatc2460
 aggggtgttgg agttttgtttt taaacatttt tataagtca tgayauaaaa catataaatt2520
 5 ctaagaacca acactgtatt cccagaaaca tgaccctcgc tggcttggg tccacatatac2580
 attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacactttg gtgttgcga gttagtcac2640
 aattttctg gaaaaaaagca gaattgaattt cttctctaga tgccttacca ggggttggcca2700
 agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgtct2760
 aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtagaa aaatgacagg2820
 10 tcatcctatg agcgtcattgc caatgaaacc ccatcttgc gagaagccct tgaatcagaa2880
 ttatctttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagttct taatttttt aaaaactgta2940
 tgtttctgtg gtatgtatat ttgtacacct aactacctgg cacttggaaa tcacagcact3000
 actcagagggc aattgaataa agagaaattt aattttaaat atcaagtcc tgc当地catt3060
 15 tctcaactt ctgattttat caaagggttgc ccagccaata aagtgcattcc caagtataaca3120
 ggggagaaag cttagactcct acagggtcct aggtttaag taatttttt gttattaata3180
 taggtataaa tttttctaat ttttattttt tggttccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
 cctctgttta tgcattctt gacatgttta tctaaattat gtgtgctctg tgacaggta3360
 aatgtaaatc tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctactccca gcctaccctt3360
 20 cttccctac ctgataatga taataactca 3389

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1919 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

caccgcctcc ccgggagacc gattgcggaa cccaccttcc tcctactgtt caagtaccag 60
 gggccctgg tcccgcaaaag ggaagaaaaa gcaaaaagac cgaaaaatgg taaattcggt 120
 gatcccccac gccactgccc cggactgcag tgacatactg cggctgatca aggagctggc 180
 55 taaaatataatga atacatggaa qaacaagtaa tcttaactga aaaagatctg cttagaagatg 240
 gttttggaga gcacccctt taccactgccc tggttgcaga agtgcggaaa gggactgg 300
 ctccgaaagg taacccctcg ccctttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaaagaa 360
 gtagtgtcgg ctgtgttagaa ccactgacta cacaggccga agttactgag aacttggaca 420
 gaaaaaaatag ccagcaagtg ttcaaaactac tgaggaaaaaaa aaaaatttag atatgctgca 480
 60 cttaaagaata cttagggcagg taaaagagc tggttaagtta agtacagag tgctgtggag 540
 actcggaaatgt gttaaagtgt cttaaagttaa tataagtgt gtggagaccc ggaagagta 600
 gatataatgtt cattttgtgtt aattcagg taaaatgttgg ttcttgcgtt accctaaacgt 660
 aacagggtttt gtaattgtgt taaaatccat tttttttttt aattttgtccca aatcttcagg 720
 ttacagtcctc tagcttcgcg atgtacatgg cccttccgtg tacatggatg ggcggggagg 780
 65 taactaaaatg atcccttaca caataaagta gatgtatcatg ataaatgagg taaggtccta 840
 ttatcacaca cttcaaaacac ggttagatcag aaacccacta tgataactcgc ttccctgtctg 900
 tttgctaagg aatataaaaat ggctagaaaa tttatgttga aaccccttgc tccattttgga 960

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

25 tcaaattccg aagcgaaaaac ttctgtcccc aacaatgtcc tctggtcctt gttaaacacc 60
ctcttcaatg aaccccccgc tgccctggct ttcaataaga attcgcctac tccgtgaag120
tctagggaca ggaagatggg tggcgacgtg accggggccc aggcctatgc ctccaccgccc180
aagtgcctga acatctgggc cctgattctg ggcattcctca tgaccattct gctcatcgctc240
atcccagtgc tgatcttcca ggcctatgg tagatcgag ggcattcactg aggcaggag300
ctctgcccatt gacctgtatc ccacgtactc caactccat tcctcgccct gccccccgag360
ccgagtccctg tatcagccct ttatcctcac acggttttct acaatggcat tcaataaagt420
30 gcaagtgttt ctggtgaaaa aaaaaaaaaa a 451

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1011 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

65 ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcg gttaaagatat agtctgtggg tggatcatct 60
gatgtatcg gataaaatttgg atttttgttt tgggtggct cctcttgggg atggattatc 120
gaatttaaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggg aaaaaaaaaa 180
aaaattttaa gtgacagtgc catagtttgg acagtagctt tcaatgattt attttaatag 240
cctgtgatgc caagttaatg atcactttat ttgcttaggg gggaaagtcc 300

```

cagtttctcc cagacatacc taaattttta catcaatccct tttaaugaaa atctgttattt 360
caaagaatct ttctctgcag taaaatctcg aggggaattt gcacttattac acttggaaagt 420
tgttattgtt aaccttttcg gcagctttta atagggaaagt taaaacgtttt aaacatggta 480
gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaaat atgtataaaat gtacataaaag 540
acaaaactagt aagcatgacc tggggaaatg gtcagaccc ttgttgggtt tttggccctt 600
aaagtagcaa gtgaccagaa tctgccccatgg caacaggctt taaaaaaagac cctttaaaaag 660
acactgtctc aactgtggtg tttagcaccag ccagctctc gtacatttgc tagctttag 720
ttttctaaga ctgagtaaaac ttcttatttt tagaaaagtgg aggtctgggtt tgtaactttc 780
cttgtactta attgggtaaa agtctttcc acaaaccacc atcttattttg tgaactttgt 840
tagtcatctt ttatttggta aattatgaac tggtgtaaat ttgtacagtt catgtatatt 900
gattgtggca aagtgttaca gatttctata ttttggatga gaaaattttc ttctctctat 960
aataaatacg tttcttatctt ggcattttaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 302 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

gtcttggctc tgtcacccag gctgggttc agtgagccgg gattgtgcga ctgactccag 60
cctgggtgac agggtaaaac gccatctcaa aaaataaaaa ttaaaaaaaata aaaaaaagaac120
ctggatctca atttaatttt tcataattttt gcaatgaaat ggacttgagg aagctaagat180
catacgataga aatacagata attccacacgc acatctctag caaatttacg tattgtctatt240
gttaggcata tgcttacagc tgtatggac catatacttg gagttgaata ttgttttcat300
ac 302

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

| | |
|----|---|
| 20 | gttccttttg ttttttctgt ttcttttctc gttgttttc ttcctttta atagtttaaga 60 |
| | gattttattc taatagctat aattacagtg cttgtttgtc gaaataaaaa ctaaaaacaa 120 |
| | gtataaaaaa cagttgatta ctaatcggtt attgaaagca gtaagagggtt ccacgcaccc 180 |
| | aaatagacca gttctgaggt ttccccaaaga taaattttaac agctccagct tcagtgtta 240 |
| | tcaaaaataca aaagaaaaaa gtagaggtt tcttttcga tggcaaatcg gacccttgca 300 |
| | ggctgaggga gagaaagcta catcacacac agaggtgggg tgctcccgag gggctgtggg 360 |
| 25 | tctaggtgga ccgcctgccc ggcttgcacg cgctcctgtc ggtgaggccc cagacatcct 420 |
| | gccaaagtgt ctgagcgcgc acgagtgtt gggacgcacgg acccactctg gccacacggc 480 |
| | gaccgaggga cagatggggc cctgcgtccc ataggtgtcc tgaaggtggg tagggcgcct 540 |
| | gcggcatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tgggaaccgt gggagcacag 600 |
| 30 | ggacaagcac atggctatgg aatgcaggtt gacccaagga caagcgcagtt gcggggatct 660 |
| | ctactgtgac catgcagaat tgatgcagt ctctgcgcca ccaccaccc atgttccgca 720 |
| | ggggAACAGC tgggctggcg actggcatcc aggcgcgtaaac tgcaaatcta tgctaggccg 780 |
| | ggtctccctt ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggatt ctaactattt taaaaaaatg 840 |
| | cactgagttt gggtaaaaaa ccaaccacca aaatggattt caacacagct ctaaagccaa 900 |
| 35 | gggcgtggcc ggctctccca acacagcgc tccctggggc caggtgcccc tggccctaca 960 |
| | tccctctca gcaactgaaca gtgagttgtat tttttttttaa aacataaaaaa aagctgagta 1020 |
| | atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaaaca aaaactattt acattaaata 1080 |
| | aaaagcctgg ccgcaggctg cgtctgcac atttacagca cgggtgcgatg cacacgtgtall 140 |
| | ccaaaccacg gaggcagctt ctggactca caccacgagc cgcacgttt ccacatgaga 1200 |
| 40 | gtaaaggaga gggcaagagg agtggaggg aggggggtcg cgttcacttc tggttccgall 1260 |
| | gctgattgga cagccagtcc agtccctcat agagccgcgc gccgctgggt ggcaggtgg 1320 |
| | cctgaatgta ccagttctg tggcgttagt agtgcagccc cagttgtct gtatctcgall 1380 |
| | ccgcattcat ggcgttgggg aggtcctgtc tggtggcgaa caccaggagg acagcatccc 1440 |
| | ggagctcgtc ctccggccacg atccctcatga gctcctcactcg gcctcggttc acacgcctc 1500 |
| 45 | tgtcattgtc gtccaccacg aagatcaggg cttgtgtt ctggaaagtag tggcgcacal 1560 |
| | ggggccggat ctgtctctgg ccacccacgt cccacacagt gaagctgtatg ttcttgact 1620 |
| | ccacggttcc cacgttgaag cctatgggg gaatgggtgtt cacatctca cccagctta 1680 |
| | gtttgttagag gatcgtggc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgcattt 1740 |
| | cttttttgc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttcccccattt cttgtggaca 1800 |
| 50 | ggtggaaagga cactggccag ggacacccca gaggctgtc ctccgagcca ggcgttgggt 1860 |
| | ttgctccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca gcgcctccgg ggcggggca 1920 |
| | cgccggtaa g 1931 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1464 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
65 hergestellte partielle cDNA

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

10 gcgccgcgg ccacgaatcg agcagtgacc gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60
 ccacctgtct ccgcccctcg gcccctcgcc cggtttgcc taaccgcccac gatgatgttc 120
 tcgggcttca acccagacta cgagggctca tcctcccgct gcagcagcgc gtccccggcc 180
 gggaaatagcc tctcttacta ccactcaccc gcagactcct tctccagcat gggctcgcc 240
 15 gtcaacgcgc aggacttctg cacggacctg gccgtctcca gtgccaactt cattccacg 300
 gtcactgcca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgcagccgc cctcgctcc 360
 tctgtggccc catcgacag cagagccct cacccttcg gagtccccgc cccctccgct 420
 ggggcttaact ccaggcgtgg cgttgtaaag accatgacag gaggccgagc gcagagcatt 480
 20 ggcaggaggg gcaaggtgga acagttatct ccagaagaag aagagaaaaag gagaatccga 540
 agggaaagga ataagatggc tgcagccaa tgccgcaacc ggaggagggga gctgactgat 600
 acactccaag cgagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgcttgcg gaccgagatt 660
 gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gagttcatcc tggcagctca cccgacccgc 720
 tgcaagatcc ctgatgaccc tggcttccca gaagagatgt ctgtggcttc ctttgatctg 780
 25 actggggcc tgccagaggt tgccaccccg gagtctgagg aggcccttcac cttgccttc 840
 ctcaatgacc ctgagcccaa gcccctca gacccctgtca agagcatcag cagcatggag 900
 ctgaagaccc agccctttga tgacttcctg ttcccagcat catccaggcc cagtggctct 960
 gagacagccc gctccgtgcc agacatggac ctatcgggt ctttctatgc agcagactgg 1020
 ggcctctgc acagtggctc cctggggatg gggcccatgg ccacagagct ggagccctg 1080
 30 tgcaactccgg tggcacctg tactccacgg tgcaactgctt acacgtcttc cttcgcttc 1140
 acctaccccg aggtctactc ctteccccacgctg cttccacggcc aggtggatgg 1200
 agcaatgacg cttccctgtca ctcgtcagc tcacccacgc tgctggccct gtgagggggc 1260
 agggaaagggg aggccggcgg caccacaaag tgccactgccc cgagctgggt cattacagag 1320
 aggagaaaaaca catcttccct agagggttcc tgtagaccta gggaggacct tatctgtgcg 1380
 35 tgaaacacac caggctgtgg gcctcaagga cttgaaagca tccatgtgtg gactcaagtc 1440
 cttacccctt ccggagatgt agcaaaacgc atggagtgtg tattgttccc agtgcacactt 1500
 cagagagctg gtatgttagta gcatgttgg ccaggcctgg gtctgtgtct ctttctctt 1560
 ttccttagt cttctcatag cattaactaa tctattgggt tcattattgg aattaacctg 1620
 gtgctggata ttttcaaatt gtatctagtg cagctgattt taacaataac tactgtttc 1680
 40 ctggcaatag tggttctga ttagaaatga ccaatattat actaagaaaa gatacgactt 1740
 tattttctgg tagatagaaaa taaatagcta tatccatgta ctgttagttt tcttcaacat 1800
 caatgttcat tggatgtta ctgatcatgc attgttggg tggctgtgaat gttctgacat 1860
 taacagtttt ccatgaaaac gttttatgt gtttttaatt tattttattaa gatggattct 1920
 45 cagatattta tattttttt ttagttttt ctaccttgag gtcttttgac atgtggaaag 1980
 tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattgtt tgcttattgt tccaagacat tgtcaataaa 2040
 agcatattaag ttgaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gggggaaagca tgggggggtc 2100
 acc 2103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 975 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

cacccgggag ccccaggata ggtaccacta cctgcgcgtc aaggtgcccc accggggggc 60
 tgcacttctt cgttcccaag tccccgcac gtcgcagct tgatgcactt ctctccgtac120
 gagccctga gacttccacg ccatgttca gcccttcctt gagatgatac acgaggctca180
 gcagggccatg gacatccact tccacagccc ggccttccag caccgccaa cagaattcat240
 acgagaaggc gacgatgacc ggactgtgtg cggggagatc cggccacaact ccacgggctg300
 cctgcggatg aaggaccagt gtgacaagt cggggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
 caacaacccc tcccaggcta agctgcggcg ggagctcgac gaatccctcc aggtcgctga420
 gaggttgacc aggaaataca acgagctgtc aaagtccctac cagtggaga tgctcaacac480
 ctccctcttg ctggagcage tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccgaa tggcaaacc540
 cacgcacggc gaagaccagt actatctcg ggtcaccacg gtggcttccc acactttaa600
 ctggacgtt cttccgggtg tcaactgaggt ggtcgtaaag ctctttaact ctaatccat660
 cactgtAACG gttccctgttag aagtctccag gaagaaccct aaatttgatgg agaccgtggc720
 ggagaaagcg ctgcaggaat accgcaaaaa gcacccggag gagtggatg tggatgttgc780
 ttttgcacct acgggggcat ctaagtccag ctccccccaa gatgagctgc agccccccag840
 agagagctct gcaacgtcacc aagtaaccag gccccagcct ccaggcccc aactccgccc900
 agcctctccc cgctctggat cctgcactt aacactcgac tctgctgtc atgggaattg960
 ctccctgcatg caact 975

20

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 3061 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

60

acggggatct caacggaaac tccagttctc tcaaggatct cctgcaatac ttcgaggcga 60
 acctgaaaag tttaggtcagg cggtgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
 ctccctgtc gccgccccctt cctggcttca ccgtttcatc attggcaaga aaggggcagaa 180

65

cctggccaaa atcaactcagc agatgccaaa ggttcacatc gagttcacag agggcgzaga 240
 caagatcacc ctggaggggc ctacagagga tgtcaalgtg gcccaggaaac agatagaagg 300
 catggtaaa gatttatttacccatc accggatgga ctatgtggag atcaacatc accacaatgt 360
 5 ccacaggcac ctcattggg agagcggtgc caacataaaac agaatcaaag accagtacaa 420
 ggtgtccctg cgcacccctc ctgacagtga aagagcaat ttgatccgca tcgaggggg 480
 cccacaggcgt gtcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatttc gcatggaaaa 540
 tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgcacaatca ttggcagaa 600
 gggtaacgg atccgtgaaa ttctgtacaa attcccagag gtcatcatta actttccaga 660
 10 cccagcacaa aaaagtgaca ttgtccagct cagaggacat aagaatgagg tggaaaaatg 720
 cacaataac atgcagaaga tggtgccaga tctgtggaa aatagctatt caatttctgt 780
 tccgatcttc aacacgtttc acaagaatata cattggaaa ggaggcgcaa acattaaaaa 840
 gattcgtgaa gaaagcaaca ccaaaatcgca cctttcagca gagaatagca attcagagac 900
 15 cattatcatc acaggcaagc gagccaactg cgaagtgcgg gggcgaggat tctgtctatt 960
 cagaagacc tggccaacat agccgaggt gaggcttcca tccctgccaa gctgcacaac1020
 tcccttatttgc acaccaaggg cggcttgcattc cgtccatca tggaggagtg cggcgggtc1080
 cacatttactt tccccgtgga aggttcagga agcgcacaccg ttgttatca gggcccttcc1140
 tcggatgtgg agaaggccaa gaagcagtc ctgcattctgg cggaggagaa gcaaaccagg1200
 20 agtttactg ttgacatccg cgccaagcca gaataccaca aattcctcat cggcaagggg1260
 ggcggccaaa ttgcacagg ggcgcgacacg actggagcac gtgtcatctt ccctgcggct1320
 gaggacaagg accaggacat gatcaccatc attgaaaagg aggacgcgcgt ccgagaggca1380
 cagaaggacg tggaggccctt gatccaaac ctggataatg ttgttggaaaga ctccatgctg1440
 gtggacccca agcaccacccg ccacttcgtc atcccgagag gccaggatctt gggggagatt1500
 25 gctgaagagt atggcggtt gatggtcagc ttccacacgct ctggcacaca gagcgacaaa1560
 gtcacccctca agggcgccaa ggactgtgtg gaggcagcca agaaacgcatt tcaggagatc1620
 attgaggacc tgaagctca ggtgacatta gaatgtgtca taccggagaa attccatcgat1680
 tctgtcatgg gccccaaagg ttccagaatc cagcagatta ctcgggattt cagtgtcaat1740
 attaaattcc cagacagaga ggagaacgc gttcacagta cagagccatg tttccaggag1800
 30 aatggggacg aagctggggg ggggagagag gctaaagagg gtgaccccg ctctccaaagg1860
 aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaaatg gtgaggctgc caaggaagct1920
 ctggaggcat tggttccctgt caccatttggaa tagagggtgc ctttgcatt tcaccgttac1980
 gttattggc agaaaggaaag tgggatccgc aagatgtatgg atgagtttga ggtgaacata2040
 catgtcccg cacttgcgt gcaatgcac atcatcgcca tcacggccct cgctgcacaaat2100
 35 ttggacccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag2160
 gaccggccctt taaggagttt taagctgagt gtcactgttag accccaaataa ccattccaaag2220
 attatccggaa gaaagggggc agtaattacc caaatccgtt tggagcatga cgtgaacatc2280
 cagtttccctg ataaggacga tgggaaccag ccccaaggacc aaatttaccat cacagggtac2340
 gaaaagaaca cagaagctgc caggatgt atactgagaa ttgtgggtga acttgagcag2400
 40 atggttctg agacgtccc gctggaccac cgcgttccacg cccgcatttc tggtgcggc2460
 ggcaaaagcca ttgcacaaat catggacaa ttcaagggtgg acatttcgctt cccacagagc2520
 ggagcccccac accccaaactg cgtcaactgt acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc2580
 atcgaccaca tcctcaatct ggaggagaa tacctagctg acgtgggtga cagtggcg2640
 45 ctgcaggtat acatgaaacc cccagcacac gaagaggcca aggcacccctc cagaggcttt2700
 gtggtgcggg acgcaccctg gaccggccacg agcagtgaga aggctcttgc catgagcagc2760
 tctgaggaat ttccctgtt tggggcttag gtggctccca agaccctccc ttggggcccc2820
 aaacgataat gatcaaaaag aacagaaccc tctcagccct gctgacccaa acccaaccac2880
 acaatggttt gtcctcaatct gaccctggg ctggaccctc ctgaaatttt tgacgtctt2940
 ccccttccc gaggtccgca gggagccatg cgcctggctg tgggtgcggc cgctcgagca3000
 50 tgcacatcaga gggcccaatt cggccatatacg tgagtcgtat tacaatttcac tggccgtcga3060
 t 3061

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2592 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

ccggggcccc agtgaggagc tgctgcggca gtgggagcag cgggtgcagg agt'cctgctc 60
 cgtgtcctg gccgggctag atggcttccg cggcagcag caggaggaca gggagccgct 120
 gcgagcgatg gagaagctgc tggcccccgt ggaggagcgg caacggcacc tcgcaggct 180
 ggccgtggc cgcagcgcct gcaggaatgc tgctctccag agctggccg gcgactggca 240
 gagctggagc gcaggctgga tgctgtggcc ggctcagtga cagtgtctag tggcgccgca 300
 ggcacagagc tgggaggagc cgccggccag ggaggccacc ccccaggcta caccagctt 360
 gcctccgcg tgcgtcgccct ggaggaccc ttcaactcca ccctggccc ttggaggag 420
 caggaggaga gctggcctgg ggctccttgg gggctgagcc actggctgccc tgctgcccgg 480
 ggccgactag agcagttggg gggctgtct gcataatgtga gcggggagct gggggggcgg 540
 ttggatctgt tgaggagagc ggtggcagg gccatgcagg catgcggca gctctgtct 600
 gggcccccgt gggagcagga ctctcaagtc agcagatcc tcagtgccct ggagcgcagg 660
 gtgctggaca gtgaggggca gctgcggctg gtggctccg gcctgcacac ggtggaaagca 720
 gccccggagg cccggcaggg caccgtggag ggattacaag aggttgggg cccgctccag 780
 gatcgtgtgg atgcccagga tgagacagct gcagagttca cactacggct gaatctca 840
 gccggcccccgc taggccaact ggaggggctg ctgcaggccc atggggatga gggctgtggg 900
 gcctgtggcg gagtccaaaga ggaacttaggc cgccctcggg atgtgtggc ggcgtgtcc 960
 tgccccctgt tgccctcctcg gggtccttgg gctggtccag gtgttgggg cccaaaggcg 1020
 gggcccccgttgg acggcttcag cgtgtttggg ggcagctca gctcagccct gcaggccctg 1080
 caaggagagc tctctgaggt tattctcagc ttcaatgtccc tcaatgactc actgaatgag 1140
 ctccagacca ctgtggaggg ccaggccgt gatcgtgttgc acctggggc aaccaaggac 1200
 cgtatcattt ctgagatcaa caggctgcag caggaggcca cagagcatgc tacagagagt 1260
 gaagagcgct tccgaggccct agaggaggaa caagcacagg cccgcccgtg ccccagtt 1320
 gaggggcgtat tggccgtct tgagggtgtc tgcgttggcgt tggacactgt ggctgggg 1380
 ctgcaggggc tgcgcgaggc ctttccaga cacgtggctg ggctctggc tggctccgg 1440
 gaaacaaca ccaccagcca gatgcagca gcccgtctgg aagactgtgg cgggggacag 1500
 gccccccctgg gcaggccgct gggtgcctt aacagctccc tgcagctccct ggaggaccgt 1560
 ctgcaccacgc tcagcctgaa ggacctcaact gggctgcag gagaggctgg gcccccaagg 1620
 cctcttggc tgcaggggacc cccaggccct gtcggaccc caggatcacc aggcaaggac 1680
 gggcaagagg gccccatcgg gcccacagg tctcaagggt aacaggaggat ggagggggca 1740
 ccagcagccc ctgtccccca agtggcattt tcagtcgtc tgatggccgc cccgtctga 1800
 ccaggcacgg tcccccttca cagacttccg ctcaatgtat gaggcttatta tgatccagag 1860
 acaggcgtgt tcacagcgcc actggcttgc cgctacttgc tgagcgcggg gctgactgg 1920
 caccggcactg agaaaatgtt ggcgtgtc tcccgttcca accaggccgt gcccccgta 1980
 gactccgggt gctacgagcc tgagggctgt gagaataagc cggggccgca gagccagccc 2040
 agccccggca ccctggggctt cttcagctc atccgtccgc tgcaggccgg ggacacggtc 2100
 tgcgtcgacc tggcatggg gcaactggc cactcgagg agcccgctc catcttcagc 2160
 gggccctgtc tctatggggc cccagaggtt gaaacgcgt agactgggtt cccgcccac 2220
 gtgttacgt cggctgaaga gacagcgggg cctggggctt cgcctgagac 2280
 gggggccatca gcccggggc agcggccgc acggggccgc agcggcaccg cggccagagc 2340
 ggcctctccc caccggccgg ggcgcggccgc tcaaggaggt tcggggccgc ccatgcagac 2400
 ttttggctgt ggcgcgtatccc ccaagaaccc ctccaggccg ggcctgcgggaa ggagccgatc 2460
 ctcgcaccct ccgcgtccctc cactggccct ccaggtcgat tccctggggct ccaggctccc 2520
 ccgcgcgggc gcccggccacc gccataactaa acgtcgagg aataaagaca cttggttttt 2580
 ctaaaaaaaa ct 2592

25

30

35

40

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 884 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

19 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

30 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
ggtcacaggt caagtcatc actagtcccc actaggaggg gtggcagggg cagggctggg120
ggtgggtgggg cgagtcacca aggtgggggg cccagggagg gcaagctctt ttacccatct180
ttgaaggctg ttggggcctg ggaatgttga ccagccccgc ctggggccca gagcaggca240
cgaaggccca caaaggcttcc tggccacag aggaggccaa cagagccaca ggcaggccca300
35 gaggggcggg tgacggcac tgcagggct ggcttcatgc cttcttgagg ttctctgcgc360
ccatccagct agagctcgtc atggtcgtct tcgggtggg cttcaggccgg tggctccggg420
caggccgctg ggtcatcgat ctccatgagg tactcgcagc gactgggctc tgggtgtctg480
gtcaccatgg tctctttccc gcacaggagg cgacaggctt tggagcggtt ggggcctgc540
40 cagcagcccg tgccttgc tctatccatg gcactgaact tggctgtgtc ggggccaatc600
catgagcccc aggtgccaag gctgggtggg gagccccca gtttgggttt ctgcgagaca660
agttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcgttgggt tgagctcgta gcactggctg720
tacaggtaag caaaactcccc gttggggcca aagtcaaaag aaatctttt ctccaggttc780
45 ctgtatggact cttccatgtc cttcagcgac cgctcggccct cttcgaactt gttgcgggccc840
tcctggcag ctgggagagg gttggaggt cagctcgagc cggg 884

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

ttcttagatcg cgagcggccg ctcggatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
 aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcggcg tggacctcgca ccagctgctg120
 gacatgtcct accagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccaggccgg cggctgaacc180
 ggggcctgcg gccgaagcag cactccctgc tgaagcgcct ggcgaaggcc aagaaggagg240
 cggcccccatt ggagaagccg gaagtggta agacgcacct gcccggacatg atcatctac300
 cccgagatgtt gggcagcatg gtggcgctc acaacggcaa gaccttgaac caggtggaga360
 tcaagcccgat gatgatcggtt cactaactgg gcgagtttctc catcaactac aagccgtaa420
 agcatggccg gcccggcatt gggccaccc acttctgcgg gttgatccct gtgaagtaat480
 gggtagtaaa ttt 493

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

gttccgcaat ttttcggggcc aaaagtctgg gaaccacccg ccaaggcctg tgctcgaacc 60
 gaaggcactt ccaaccaacc aaccgttgc aaacttcccc cgtctccca tccctgtccc120
 actcccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc cccattacga cctctccag180
 ctgctgaaag gcccacgggag gtgaggctt tcacatccca ttgggactcc atgctccctg240
 agaggagaaa tgcaataact ctgggagggg ctgcagaggg ctggcctta tttatttaac300
 ttcaccggag ttcctctggg tttctaaagca gttatggta tgacttagcg tcaagacatt360
 tgctgaactc agcacattcg ggaccaatata atatgggta catcaagtcc atctgacaaa420
 atggggcaga agagaagga ctcaagtgtt gatccggttt cttttgctc gcccctgttt480
 ttgttagaat ctcttcatgc ttgacatacc taccagtatttccgcac acacatatac540
 atatgagaat atacatatttatttattttgtt taggtgtctg ctttcacaaa tgtcattgtc600
 tactccataga agaaccataat acctcaatatttggatgtactt atcctgtaaa660
 tatatcttaa gcaagggttgtt tttcagcact gatgaaaat accagtgttgggtttttt720
 tagttgccaat cagttgtatgtttagtatttatttatttatttatttatttatttattt780
 tctaagaaga cattttgtta cataaggatg acttttttat acaatggaaat aaattatggc840
 atttctatttggaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa gaggggggggag900

ggggggggggc ggt

913

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1917 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

35 agctttagca gcagctgagc gccaaaaaaca gcacactcaa acaactggaa gaaaaactca 60
aaggccaggc tgacttatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
ttgcaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gcccctggag gtgctgttgc 180
tggagaagaa ccgctcgctg cagtcggaga acgcccgcgt ggcacatctcc aacagcgacc 240
tgagccggacg ctgtcgccggag ctgcaagtcc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
40 agcagagaga gctgatcgcc cgcctggagc aggacctgag catcattca tccatccagc 360
ggcccgatgc cgagggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
aggccactgc cctattctac ggacctgcag caccagccag cggtgccctc ccagagggcc 480
aggtgattc actgctttcc atcatctcca gccagaggaa ggcgttccgt gcccggaaacc 540
aggagcttga gggcgagaac cgcctggccc agcacaccct ccaggccctg cagagtggc 600
45 tggacagccct ggcgcgccgac aacatcaagc tctttgagaa gatcaagttc ctgcagact 660
accctggccg gggcagcggc agtgatgaca cggagctcggt gtactctgc cagtacgagg 720
agcgcttggaa ccccttctcc tccttcgca agcgggagcg gcagagggaa tacctgagct 780
tgagttccctt ggacaaggcc accctcaagca tggggcgctt gtttctctcc aacaagatgg 840
50 cgcgcacat cgccttcttc tacacactgt tccttcactg cttgttcttc ctgggtctt 900
acaagctggc atggagcggag agcatggaga gggactgtgc caccttctgc gccaagaagt 960
tcgctgacca ctcgcacaag ttccacgaga atgacaacgg ggctgcccgt ggtgacttgt 1020
ggcagtgata cccccggggcc tccccctgtc cagtgcggc tgccctccca ccccgactgc 1080
tcagtgcatc taatcaactt gactccccctt aagaatcccc catggaaact gcccattatcc 1140
55 gctgtccagc agctgccaga gggccccaggat cacctcggtt ccccttggaa gaatgtctcg 1200
gtcacatca gcccgcgttcc agcggagac gggccccaa tgccccggcca ggctaaaggcg 1260
cagagaccct ctcagcccccc acctcaggtt agggctctgc cccgagccctg acctctagcc 1320
ctgggtggcag agtccctca gctgcggc taatgggtg accaccgatt ccagctgcgg 1380
ttaatccagc ttggccctgt ctgcacttgc atccctttgg gctctcttag gggcccccc 1440
60 tgccccgtaa gaggtggaaag acgttccctt ccagagacgc aggcttttagt tccagcaccc 1500
ccagcctggc ttgcacca gccccacccct gcagagtata tgaggcttgc cagagtctgc 1560
cccccccccc actgcaccccc aagagagaga gccccagcca ggggaacagt ttcttattacc 1620
ccctccctgc ccccagaccc atgtgatttc tgcttcttc tttagcaaga tattctgggt 1680
tctagataag gaagagtctc taatgagccc ccgagccccca gtctcttcag actcatggat 1740
tggctgtgagg ggtctgaacg tctcttagcc aatcagaatggctgtggac cacccttagca 1800
65 cggccaccc tcagggccac tggcaggccct tccttgatgta gatttgatgt tgcataat 1860
gttttgcaca tttgaaataa accacgggtt cagccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1917

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 518 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

30

```
ggccagccct gggcgccctt aaaaacccga gctggcgctt ggcacatgcaca ctctggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccccgaaag ccatggcaag 120
caaggccttg caggacactga agcaacaggt ggaggggacc gcccaggaaag ccgtgtcagc 180
ggccggagcg gcagctcagc aagtggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat 240
ggaccagctg gccaagagcca cccagggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga 300
cacttctctt gggatcgaaa aaaaattcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg 360
tcggcctctt gaaatgatacg cagggagact tgggtgaccc cccttccagg cgccatcttag 420
cacagcctgg ccctgtatctc cgggcagcca ccaccccttc ggtctgcccc ctcataaaaa 480
ttcacgttcc caaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aagttttg
```

35

40

518

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

ctcccgcgcg cgccgttaaa tccccgcacc tgagcategg ctcacacactg caccggcccc 60
 10 gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgctta ggcccgtag cgcgcgcct cctcctcagc120
 ctgcgtgtgt tcggcttcac cctagtcac ggcacaggag cagagaagac tggcggtgtgc180
 15 cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcgacacg cgaatgcgc240
 gacaacctca agtgtgcacg cgccggctgt gccaccccttctt gctctctgcc caatgataag300
 gagggttcct gccccccaggtaa acacattaac tttccccacg tccggccctgt tcgggaccag360
 20 tgccagggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaaatgtt gcccgaatgg ctgtggaaag420
 gtgtcctgtg tcactcccaaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
 agaaaatttc tgccctggcc tgcacatgtt tccagccac ctgcctccccc cttttcggg540
 actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
 25 actttcagca aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaca aaaa 634

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 879 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

55 ctggccata aataggggtc tcctcagtgc ctcgcgtcc tcctgccacc tccctcgctc 60
 tccccacacca ctggcaccag gccccggaca cccgcctgc tgcaggagaa tggctactca120
 tcacacgctg tggatggac tgccctgt ggggggtgt ggcgacctgc aggcagcacc180
 ggaggcccag gtctccgtgc agcccaactt ccagcaggac aagttcctgg ggcgctgggt240
 60 cagcgcgggc ctgcgcctca actcgagctg gtcggggag aagaaggcg cggtgtccat300
 gtgcaagtct gtgggtggcc ctgccacgga tgggtggctc aacctgaccc ccaccttcct360
 cagaaaaaac cagtgtgaga cccgaacccat gctgctgcag cccgcgggggt ccctcgctc420
 ctacagctac cggagtcacc actggggcag cacctactcc gtgtcagtgg tggagaccga480
 ctacgaccag tacgcgtgc tgcacagcca gggcagcaag ggcgcggcg aggactccg540
 catggccacc ctctacagcc gaacccagac ccccaaggct gaggtaaagg agaaattcac600
 cgcctctgc aaggcccagg gttcacaga ggaatccatt gtcttcctgc cccaaaccga660
 taagtgcatg acggaacaat aggactcccc aggctgaag ctggatccc ggcgcagg720
 gtgacccca cgtctggat gtctctgtc tggatccc cccggccctt gcccccggctc780
 65 cccgcacaaag caccctgtcc cactcggtt tcacatgtca caataaactc cggaaagcaag840
 tcagtaaaaa aaaaaaaaaaag gggaaagagg ggtgaggga 879

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2015 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

30

ctgagccgccc tgatttatttc cggccccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcggggctcg 60
 agcagccccag cgtgccccatt ccagcccccg cgtccccgcgca gcatgccgog ccccccctcg 120
 ctggccgcgc tggccggcgc gctgctctgc gccccccagcc tcctcgctcg cctggatatac 180
 tgttccaaaa accccctgcca caacgggtgtt ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
 ggagatgtct tcccctcgta caccctgcaacg tgccttaagg gatcgcggg caaccactgt 300
 gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgcacaa ctcacagatc 360
 gcccctcat ctgtcgctgt gacccttcttg ggttgcagc attgggtcccc ggagctggcc 420
 cgcctgaacc ggcgcaggcat ggtcaatgcc tggacacccca gcagcaatga cgataacccc 480
 tggatccagg tgaacactgtc gcgaggatg tggtaacag gtgtgggtgc gcagggtgcc 540
 agccgcttgg ccagtcatga gtacctaagg gccttcacagg tggccatcag ccttaatgg 600
 cacgaatttcg atttcatcca tgatgttaat aaaaaacaca aggagtttg gggtaactgg 660
 aacaaaaacg cggtgcatgt caacctgttt gagacccctg tggaggctca gtacgtgaga 720
 ttgtacccca ctagctgcca cacggccctgc actctgcgtt ttgagctact gggctgtgag 780
 ctgaacggat gogccaaatcc cctgggcctg aagaataaca gcatccctga caagcagatc 840
 acggcctcca gcagctacaa gacctggggc ttgcatacttc tcaagctggaa cccctcttat 900
 gcacggctgg acaagcaggg caacttcaac gcctgggtt cggggagctca cggtaacgat 960
 cagtggctgc aggtggaccc gggctctcg aaggaggatg caggcatcat caccgggg1020
 gcccgttaact ttggctctgt ccagttgtg gcatcttaca aggttgccctaa cagtaatgac1080
 agtgcgaact ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcaactggat cttccctggc1140
 aactggaca accactccca caagaagaac ttgttgaga cggccatctt ggtctcgat1200
 gtgcgcacatcc tggctgttagc ctggcacaac cgcacccccc tgcgcctggaa ggtgctggc1260
 tgtttagtggc cacctgcccac ccccgaggctt tcctgccttc catggggcccg ctgcctttg1320
 gcttcctcgc ccctttaaat caccataggg ctggggactg gggaaaggggg ggtgttcag1380
 aggccgacc accacacatggt cccctcttc ccacccctcca cctctcacgg1440
 gcccctcccc agccccctaa gcccgtcccc taaccccccag ttctcaactgt cctgtttct1500
 taggcactga gggatctgag taggtctggg atggacagaga aaggggaaag tagggctgt1560
 ggtttccctg cccctgtccg gaccggccat cccaggatgcg tggctctcg tctctcttag1620
 cccctcttc acacatcaca ttccccatggt ggcctcaaga aaggccccggg agcgcaggc1680
 tggagataac agccctttgc cccgtcccc tgcgtccggcc ctggggtacc atgtggccac1740
 aactgctgtg gccccctgtc cccaaagacac ttccccctgt ctccctgggtt gctctcttg1800
 cccctgtcc tgaagccccag cgacacagaa ggggggtgggg cgggtctatg gggagaaagg1860
 gagcggaggc agaggaggc atgggttggc aggggtggcg ttggggccctc tctatgctgg1920
 cttttcaccc cagaggacac aggcagcttc caaaatatat ttatcttctt cacggaaa1980

55

60

65

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 732 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

aaaaaaaaaaag aaaagccaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtat gatgtgtga 60
caataagttt gaaccttttt ttttgaaca gcagtcggag tattctcaga gcatgtgtca120
gagtgttgtt ccgtaacct ttttgtaaat actgtttgac cgtactctca catgtggca180
aatatgggtt tttgaaagtgt tttttcttc gtcctttgg tttaaaaagt ttcacgtctt240
ggtcctttt gtgtgtatgcg ccttgcgtat ggcttgcacat gtgcattgtt gaggagatg300
ctcacctcta gccttaaggg gggcaggggag tttttttttt gggggggctt tgggagcaaa360
ataaggaaga gggctgagct gagcttcgggt tctccagaat gtaagaaaac aaaatctaaa420
acaaaatctg aactctcaa agtctat tttactgaa aatgtaaatt tataaataata480
ttcaggagtt ggaatgttgtt agttacccat tttttttttt gttttttttt tttttttttt540
acatgcagtt cattattttgggttcttatt ttactttgtt tttttttttt tttttttttt600
gtgactgttt ggcttataaa cacatggat ggcctttatt gcccattggat tttttttttt660
atatccttcc aaaaaattaa aacgaaaata aagtaaaaaga aaaaaggaaa aaaactcaag720
atagctcgcc 732

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

attgcagctg caaggtactc tggtgagtca ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60
 tttgtggca ttgcgtctggg gtgggcagtt ttttggaaatg gccaaccag aaaagccca120
 gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgggtttca tgtagttac cttatagtta180
 ctgtgtatt agtgcactt aatgtatgtt accaaaaata aatataatcta ccccaacta240
 gatgtatgtt tttttgtata attggattc ctaatactgt catcctcaaa gaaagtggagt300
 gtatttggaa ataaaagtca gatggaaaatt catttttaa attcccggtt tgtcaacttt360
 tctgataaaa gatggccata ttacccctt tcggcccat gtatctcagt accccatgga420
 gctggctaa gtaaaatagga attgggttca cgcctgaggc aattagacac tttggaaagat480
 ggcataaccc tgcgtcacctg gacttaagca tctggctcta attcacagtg ctctttctc540
 ctcaactgtat ccaggttccc tcccaagagga gccaccagtt ctcatgggtc gcactcaactc600
 tctcttctct ccagctgact aaacttttt tctgtaccag ttaattttc caactactaa660
 tagaataaaag gcaagtttctt aaacttcctg t 691

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

gtcagatgag ctgattggc agaaagtggc ccatgtctg gcagagggac tcgggagtaa 60
 tgggcctgca attggggggg aggtttgtt ggaagggagg ttggatgact gagaaggttg120
 ttttcgagca gacaaaggc atcgcagata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
 cctatgagcc tgggtggcc attggtaactg gcaagactgc aacacccaa caggccagg240
 aagtacacga gaagctccga ggatggctga agtccaacgt ctctgatgcg gtggctcaga300
 gcaccctat catttatgga ggctctgtga ctggggcaac ctgcaaggaa ctggccagcc360
 agcctgtatgtt ggtatggctt cttgtgggtg gtgcctccctt caagcccgaa ttctgtgaca420
 tcatacatgc caaacaatga gccccatcca tcttcctac ctttcctgca agggcaaggaa480
 ctaagcaggc gagaagccca gtaactgcct ttccctgca tatgttttctt gattgggtgt540
 atgtatgttc ttctgtggg cttaatgca aagtgtatc 579

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

ccccccctcc ctaatttcca ctccccccac cccacttcgc ctgcccgggt cgggtccgcg 60
gcctgcgtg tagcggcgcg cggcggtccc tggaaagttagc aacttcccta ccccacccca120
gtcctggcctt ccgtccagcc gctgacgtga agatgagcag ctcagaggag gtgtcctggaa180
tttcctgggtt ctgtggggctc cgtggcaatg aatttcttctg tgaagtggat gaagactaca240
tccagagaaa attaatctt actggactca atgagcaggt ccctcaactat cgacaagctc300
tagacatgat ctggacactg gagecctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagtg360
acctgattga gcaggcagcc gagatgctt atggattgat ccacgcccgc tacatccta420
ccaaacgtgg catcgcccag atgttggaaa agtaccagca aggagacttt ggtaactgtc480
ctcggtgtt ctgtgagaac cagccaaatgc ttcccatgg ctttcagac atcccaagggt540
aagccatggt gaagctctac tgccccaaatg gcatggatgt gtacacacccc aagtcatcaa600
gacaccatca cacggatggc gcctactcg gcactgggtt ccctcacatg ctcttcatgg660
tgcatcccga gtaccggccc aagagacctg ccaaccagtt tttgcccagg ctctacgggt720
55 tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agcttcaagc cggccagcaac ttcaagagcc780
cagtcagac gattcgcgtga ttccctcccc caccgttccgc gcatgttttgc actttcctt840
tctttttgtc caccctttca ggaaccctgt atggtttta gtttaaatta aaggagtcgt900
tacgtgggtt ggaatatgaa ataaagttaga agaaaaggcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaa 968

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1175 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

15

gccccggccg cgtcagtctg cgccgggtgatt cactccctcc ttccggccgg ggcccccttc 60
 ccggccagac ggccggcaag acagctgggt gtacagcgtc ctcgaaacca cgagcaatgc 120
 agcagatcc ctggaggacc agggactcca gcccattgcca tggccggattc tgagcgcctc 180
 tcggccctcg gtcgtctggc cgcctgcacc aactctcgc gcactcgaa gggaaatcctc 240
 ctgttgcgt agattatatt atgcctgtgt atcctgatct gttcagtgc ctccacacca 300
 ggctactctt cctgtcggt gattgagatg atccttgcgt ctatttctt tgttgtctac 360
 atgtgtgacc tgccacaccaa gataccatc atcaactggc cctggagtga tttcttccga 420
 accctcatag cgccaaatccctt ctacctgatc acctccattt tggtccctgt tgagagagga 480
 aaccactcca aatcgtcgc aggggtactg ggcctaattcg ctacgtgcct cttggctat 540
 gatgcctatg tcaacttccc cggtcgccg ccaagacata cagcagcccc cactgacccc 600
 gcagatggcc cggtgttaggc gaaatccctt catttcttc tgcaatctgc aaataactcc 660
 tccattgaaa taactccctcc ccaccccaac aacaacatc ccagcagacc aactccacc 720
 ccctcttgc ggtaaaatgt cctttatgg gagacttttgc tcttccagcc tgccaatcaa 780
 ccctctggg tggggccacc atatgtgtg gcctagggtcc tccctctgcg cgtatccaa 840
 ggagacacca gttctgactg aaccatgccc ccacctaagt cacaatgtg gggaaatggg 900
 gagtttagatt tcagagtccca ggcccttagt tgggaccac tccaaataat ctcctcggt 960
 tgggtgtgg ttctatagag ggataatgtg ataataaaaca ttgtttaaat atacgataat 1020
 gaataaaatgtg atcctttcat caaatgtggg taaatgttcaaa gcatcaggag gggaaatgg 1080
 agtggaaaca gctggggcaaa ggaggcaag aagccaggcc tggggccaaatataa 1140
 ttacttcaat aatgcaaaacg agaggcccg tgcgg 1175

25

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 851 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NC: 46

5 acctgcacca ggagacactg ggagggttag tccccaaacc cgcacagacg aggactgcag 60
 cctgaggaaa gagcaaggat ttcaaggag aggctgcga caagtggca gaaaatagaal20
 acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcaactg180
 gcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gccctcgct ccacgcagaa aaccacactt240
 ctc当地accc cactcaacac ttccccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg300
 10 aggtggctgt gctggggca ccccccagca ccatcttcc aagggtccacc gtgatcaaca360
 tccacagcgac gacccctcgat cccgaccatcg tcgtctggtc cctgttcaac accctttct420
 tgaactgggt ctgtctgggc ttcatagcat tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga480
 agatgggtgg cgacgtgacc gggggccagg cctatgcctc caccgccaag tgcctgaaca540
 tctggccct gattctgggc atccatgat ccattggatt catcctgtta ctggatttcg600
 15 gctctgtgac agtctaccat attatgttac agataataca gaaaaaacgg gttactagt660
 agcccccacat agcctgcaac ctttgcactc cactgtgcaat tgctggccct gcacgctggg720
 gctgtgccc ctgccccctt ggtcctgccc ctgatatacag cagtttatac ccacacac780
 gtctacagtg tcattcaata aagtgcacgt gtttgaaa aaaaaaaaaa aaggagggggg840
 20 ggaaaaagg g 851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1049 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 35 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

50 ctcgagccgt tttttttttt tattggatt tgaatacatt tatttgaca agaatgtgt 60
 tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt ttagttagga attgtcaag agaagattcc 120
 55 aaatttggaaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tccctgtttt agaataagca 180
 ccttatgtaa aatttctact aacattatac atggtcacag ccatgcccac ttgatataat 240
 cccaaacttgc 300 ctgttcaact ggctgtccct ctccactgca acccccttc
 ctccagccct ctgaaacatc gcactatctt ttggtaagca attccatata gatagctggg 360
 ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattt tttctaaagt 420
 60 ctaatagaga acattttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaatcga 480
 cattcttaac tctttcaact ccaccttagat agctgtatc tacagatgtatc gcagaaaaaga 540
 ggttagggga gtaactttcca atagtttatt gtatttctt aaatatcctt tctggattt 600
 tcagaaacaa aacataaaaaa aattatatac tttattacaa atggtaaact cagagtgtc 660
 65 caaatctttt attacaaaac aacactgggc aggataccac aacaaacaaa caaataactt 720
 acaaaggcat gaagctgtttt attgacagta atcagcttcc atcaaattaa aaaatata 780
 tatgtacata cacagttAACACAGGCAGGGCAGAAAGAGT TCTGCTGTC 840

gctctcacaa acctccctcc tgccgccccct ccccaaccct ccccccgcgtt tgggttttta 900
 aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcgtt tggtaacccccc tccccctccc 960
 cccttaata ctgaatgaga tcgaatgtt ggtccatgca gttcttggc aatgttaacg1020
 aaaagggtcca acgttccgtt cgccgggg 1049

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 1375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

aataacaactg cttgtcccc atcctctact tcggcatcta gaaagccgc ctcataagt 60
 aacgcttgc ttctaaaca gttAACCTCT aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
 gcttcacg gcatcagca gcagcgttc tgtaaccgac aaagacaccc tcgaattaag 180
 cacatccctc gattccagca aagcaccgca acatgaccgca aatgagcttc ctgagcagcg 240
 aggtttgggt gggggactt atgtccccc tcgaccagtc ggggtgggg gctgaagaaa 300
 gcctaggctt cttagatgt tacctggagg tggcaagca cttcaaaccc catgggttct 360
 ccagcaca ggtcaaggcg ggctccctccg aatggctggc tggatggg ttggtcagtc 420
 cctccaaaca cagaaggag gatgcctct ccggacaga ttggatgtt gaaaaatgg 480
 atttgaagga gttcacttg gatgcctgt tgggtataga tgacctggaa accatgccag 540
 atgacttct gaccacgtt gatgacactt gtgatcttt tgcccccccta gtccaggaga 600
 ctaataagca gccccccca agcgtgaacc caatggca tctcccaagaa agttaacaa 660
 aacccgacca gttgcccccc ttcacctct tacaacctct tccctttcc ccaggggtcc 720
 tgcctccac tccagatcat tccttagtt tagagctggg cagtgaagtg gatatactg 780
 aaggagatag gaagccagac tacactgctt acgttgccat gatccctca gtcataaagg 840
 aggaagacac cccttcagat aatgatagtg gcatctgtat gagcccgagag tcctatctgg 900
 ggtctctca gcacagcccc tctaccaggc gcttcacaa taggagcctc ccatctccag 960
 gtgttctctg tgggtctgcc cgtcccaac cttacgatcc tcctggagag aagatgttag1020
 cagaaaagt aaagggttag aactggata agaagctgaa aaaaatggag caaaacaaga1080
 cagcagccac taggtaccgc cagaagaaga gggccggagca ggaggctt actggtagt1140
 gcaaagagct gaaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggcggattcc ctggccaagg1200
 agatccaga cctgaaagat ttgatagaag aggtccgcaa gcagggggg aagaaaagg1260
 tcccccttagtt gaggatagtc aggagcgtca atgtgcttgc acatagagtg ctgtagctgt1320
 gtgttccaaat aaattatccc ttagggaaag taaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaa 1375

40

45

50

55

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

65

- (A) LÄNGE: 2443 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

19 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

29 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

tttttttttt tttttttttt tttatttttt ttttttatga atggaagcaa aacttttattc 60
ctctggctg gagaagagaa ctatgggtg gttgtgtaca ggaccccat ccctcacccc 120
tcccagaacc aaagaagaca agcagcgcca ccaaattggct ccctctgccc aagtgaagc 180
cgagaggctca gggggctggct gggggaggcag gtgagccag cacggcacag ggcaggggcg 240
gctgcaagtga caggcggggcg gccaggggcg cctggggcg ggttgggggg aagaggggcg 300
ggctgttgg gtagcggggc aggcttgggg gctggggct ggacacggggcc ccagactcag 360
ggcaccacaa cgccgttaggg gctgctggg atgtgtctgt ccccccattt gaccaccagt 420
gtgtactccc cttgttcctt gagcaggtag gacacgctgt agagccggct gcccacgtgc 480
ttcaccaagga tctctctcgaa gggggccctt gggccatgaa ccccccacccag cagcatgtt 540
ttgcctgttt tgctgcagtc tactgtgaag ctgctttctt ggcctacgta ggccttgctc 600
agccccaggc cttggccac caccttgcgt gcgtcagcag gcccaggacc cggggccccca 660
tgctgggggg cacaggtggc cttggtcaga gagtctacaa acactgtatga tgcgtcg 720
40 aggctgtggt tgctgacgag acgggggcct gtgactttgg ctttgaaggg gctggcccca 780
atgtggtagg ggccgcgcgtaa cttgatggag atgaggtacg tggcagggtgc catgggggt 840
taggtgacgc ggttagccctc agggcactcc tggcaatcca ttttcacccctt ggagggggccg 900
tcaatggtca cccgacagggc accagctccc gcatttgcgt ttttacacgac gaaactcagct 960
gggttccctg tgacaccggcc ttccagaccc tttccgttaag cagacacccaa gcctgggtcc 1020
45 cctccatgccc caggctcccc aactccggatc ttgaaggggc ttccaggat gttgggtccg 1080
ttgaacttga cgtcaatcag gtaaaacgcctt ttctccggag ggatggacgc cacagcatac 1140
ttatctttgtt caatttttttgc gacatagcac ttccctgggg cttctgggg gctgtgcacc 1200
ttggcatcgaa tcggccctt ggccccgttc aggctgactg caaaagaggc tggctgggt 1260
accttagcc ctgactccctg aaggcttagaa acagtgggc ggcggggcgtc gccagacgg 1320
50 gaagccacacg gcaccacggaa ggggtgtcg ggaatgtttt cttcgttgcacatgtt 1380
acttcgttagt caccctggctc ctggaccacaa taagccacac cacaggagcc gtccttgcgg 1440
tcctcaaaag agatctcagc cttgtgggg ccctccggatc caatggccag gcctccagca 1500
ccagctcccc gggcccgatc actgaattcg gttggcactc cagtttgcgtc tctctccagg 1560
ccagggcccc cagctggac cttgtgggtt ccccttccctt ctggggccccc cacggtaac 1620
55 tggaaaggggc tcccaaggccat gttgtggcc ttgtacttca cgttgcgttgcgttgcgtt 1680
atctcagccg gaacaaagcg gatgcgttag gttgtgttccat ccccttccac gatctcgcc 1740
tcatgggtct tgcccgatgg gttgtgttccat tgggtgttca ttttgcgttgcgttgcgtt 1800
gggattttca ggctgagggtc acaatgacta ccaacgttgg ccactgttgcgttgcgttgcgtt 1860
60 ctgcgggtga tgctctttt caccctggccat tggcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 1920
ccaggcacgt gttgtggccaa aaacttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 1980
cagtaggtga ccctgcacgtt cccgttccatc aggttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 2040
ggggccctcaa tggacagggtc gagcccccacca tagccgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 2100
tctgcagggtc caaagggtgtt gttgtgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 2160
65 gcatccccaa ttcccgactt gttgtgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 2220
ccatttttctt tcacatgcac caggtgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 2280
acgtggccat tacggcagccg cttcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgttgcgtt 2340

```

acagtggccg tcagcaggct gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca 2400
gagccgacct tttagtgttgc catacgcatg gagtcctcac ctg 2443

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2693 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gactacgtgg agcccgccca gaacaccatc tccctgaaga tgatcccacg catcgactac 60
gatcgacgca aggcccgcatt gagcttgaaa gactgggtt cccaaaaggaa gaagtttaag 120
cgccctccac agaggctgtt tgatgcttag aagatcaggc cccctgggggg tgatgttgc 180
tctgtatgggt actttctcat ctttgagggg aaccgttaca gcccggaaaggg ctttctgttc 240
aagagcttcg ccatgtctgc tgtgtatcaccg gagggtgtga agccaaacact ctctgagctg 300
aaaaagttt aggaccagcc agagggcatt gacctggagg tggtaactga gagcacagg 360
aaggagccgg agcacaactt ccaacctggg gacaacgtgg aggtctgtga gggtgagctc 420
atcaacctgc agggcaagat ctcagcgtg gatggcaaca agatcaccat catgcccag 480
catgaggacc tcaaggacat gttggagttc ccagcccgagg aacttagaaa atacttcaag 540
atgggggacc acgtgaaggt gattgctggc cgattcgagg ggcacacagg cctcattgtg 600
cggttggagg agaatttcgt tattcctgttc tctgacccca ccatgcatga gctgaagg 660
ctccccccggg acctgcagct ctgctcagag acagcatcag gtgtggatgt tggggccag 720
catgaatggg gcgagctggc gcagctggat ccccagactg tgggtgtcat cgtgcacta 780
gaacgggaga ccttccaggt gctgaacatg tacggaaagg tggtaactgt cagacatcag 840
gctgtgaccc ggaagaagga caaccgcatt gctgtggct tggactcaga gcagaacaac 900
atccatgtga aagacatcgt taaggtcatt gatggccccc actcaggccg agaaggggag 960
attcgccatc tcttccgaag cttcgcccttc ctacattcga agaaaactggt ggagaacggg1020
ggcatgttt tctgcaagac cccgcacccctg gtgctggctg ggggctcaaa gccccgtat1080
gtgaccaact tccacgtggg tggcttgcg cctatgagtc cccggatcag cagccccatg1140
caccggcattt ctggaggctca gctgtggccgc tttggtagcc cagggtggccg cagtggtgcc1200
atgagcaggg gcccggggccg gagggcaac gaaatcattcg gccacaccgt ggcacatctcc1260
caggggccct acaaaggcta catcggtgt gtgaaaatggt ccacagagtc cacggccgt1320
gtggagctgc actccacccgt ccagaccatc tctgtggacc gtcaagcggct caccacgggt1380
ggctcacggc gccccggccg catgacccctg acctatggga ggacgcccatt gtatggctcc1440
cagacgccta tggatggctc tggctcccgaa acaccatgt acggctcaca gacaccctc1500
caggatggta gcccgcacccca acactacggc tcacagacgc ccctgcatga tggcagccgc1560
actcctgccc agagtggggc ctgggacccc aacaacccca acacccgcgc acgggctgag1620
gaagaataatg agtatgctt ccatgatgg aaccccccgt ccccccgcgc ctatgggggat1680
acccccaatc cccaaacacc tggctaccca gaccctcg cccacaggta caacccacaal1740
tacaacccgc agacggccagg gacggccggcc atgtacaaca cagaccaggta ctctccat1800
gcggggccct ccccaacaagg ttcctaccag cccagccca gccccccagag ctaccaccag1860

5 gtggcgccaa gcccagcagg ctaccagaat acccaactcc cagccagcta ccacccataca1920
 ccgtcgccca tggcttatca ggctagcccc agcccgagcc cgggtggcta cagtcstatg1980
 acacctggag ctccctcccc tgggtggctac aaccacaca cggcaggctc aggcacatcgag2040
 cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcaggta aggtgcggga cacctacctg2100
 gatacacagg tgggtggaca gacaggtgtc atccgcgtg tcacgggggg catgtgtct2160
 gtgtacactga aggacagtga gaagggtgtc agcatttca gtgagcacct ggacccatc2220
 accccccacca agaacaacaa ggtgaaagtg atccctggcg aggatcggga agccacggc2280
 gtcctactga gattgtatgg tgaggatggtt attgtccgtt tggacccgtt tgagcagctc2340
 10 aagatccctca acctccgctt cctggggaaag ctcctggaaag cctgaagcag gcaggggccgg2400
 tggacttcgtt cggatgttggaa gttgatccctt ttccttccctt gggcccttggc ttttgacacaa2460
 gatccctcctg cagggtctagg cggatttttccctt tggatttttccctt ttttagttt2520
 tccatctttt cccctccctgg tgctcatgg aatctgagta gagtctgggg gagggtcccc2580
 accttcctgtt acctccctccc cacagtttc accttccttca ataaaaagaa2640
 15 gctgtttgtt ctaaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 2693

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

50 taaatcgcg gcccgtcgac tttttttttt tttttttttt agctcttta gaaattttat 60
 tggtcctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgctca gagtcccccc aaccctcact120
 gtttcccggtt gccattgtat gggaggttca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180
 gcttggggccg ggcactgagg cgccccacat atgctgagag cagggggaaac gcatccaggc240
 agccaggggc taggacctca tggatcagca gcaagtccag caggtttagt tcagcgaagg300
 agatctggtc tcccacaatg aaggcttgc ctccctgggtt ctggggacagc agggctctcaa360
 aaggcttcag ttggccgggc agtgccttca catatgcattc ttgcggccgc tcatagttgg420
 55 tgtatgtatggatgtat ttgcagcgga ggtcctccac gccgttattc accatgtcca480
 ccaggcgtgc ctccctgtgg tccttccat agagcccaag ggtgcggccc aggtgacgca540
 ggtatgttggatgtac agggtgagggt ctccctgtgg gaaacttgggg agctgcccgt600
 ataggcaggaa ggctttagt gggcccttcc tccacgttcc caccgttacc acctccctt660
 tccagctctg gccctgtatctt gccagcagca tggcgcaggc cggcgcaggc cctcgaactg720
 60 ggaaatagac cacgggtgttag gggggcatgg tggcgaagac tggcggggcgg aaactccagc780
 gaaaggctcg cggcctccga gccttataag ggtgtcccg ccccgctccg ccccgatgtct840
 gagtacggc gccggccgctt ctctggagg gtcccgca 877

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```
ccctctctct cagcgctctc tttcctacaa ccctctctcc tcagcgcttc ttctttcttg 60
gttgatcct gactgctgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatgtgt120
ccaccccca caagtaactcg ggcaaagagg gtgacaagtt caagctcaac aagtcaac180
taaaggagct gctgacccgg gagctgccc gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240
cttccagaa gctgatgagc aacttggaca gcaacaggaa caacgaggta gacttccaag300
agtactgtgt ctctctgtcc tgcattcgcca tgatgttaa cgaattcttt gaaggcttcc360
cagataagca gcccaggaag aaatgaaaac tcctctgtat tgggtggggg gtctccagc420
tggggccctc cctgtcgcca gtgggcactt tttttttcc accctggctc cttcagacac480
gtgctgtatg ctgagcaagt tcaataaaga ttcttggaaag ttttaaaaaa aaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa
```

548

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1221 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

5 tggaaagcata aatggggagg ggagagccca ctggtagaa ggaacaggga gggccagga 60
 tctgctgctg gcaactgcccgc tcctggcag cccgcctac gggccctg ccccagggca 120
 ggcctgcag cgagtggca tcgttgggg tcagggcc cccaggagca agtggccctg 180
 gcaggtgagc ctgagagtc acggccata ctggatgcac ttctgcccc gctccctcat 240
 ccaccccccag tgggtgctga cccgagcga ctgcgtggga cccgacgtca aggatctggc 300
 10 cgcctcagg gtgcaatgca ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccgtc 360
 agcaggatca tcgtgcaccc acagttcac accggccaga tcggagcggc catgcctg 420
 ctggagctgg aggagccggta agaggctcc agccacgtcc acacggtcac cctgcccc 480
 gcctcagaga cttttttttt gggatggcg tgctgggtca ctggctgggg cgatgtggac 540
 aatgtgagc gcctccacc gccatttct ctgaagcagg tgaaggccc cataatggaa 600
 15 aaccacattt gtgacgcaaa ataccaccc ggcgcctaca cgggagacga cgtccgcac 660
 gtcctgacg acatgtgtg tgccggaaac accggaggactcatgcca gggcactcc 720
 ggagggcccc tgggtgtcaa ggtgaatggc acctggctgc aggccggcggt ggtcagctgg 780
 ggcgagggtgtgcccagcc caaccggctt ggcacatcaca cccgtgtcac ctactactt 840
 20 gactggatcc accactatgt ccccaaaaag ccgtgagtc ggcctgggtt ggcacactgg 900
 gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg ctgccttaccg aggtggcgac 960
 tggcccccac accctccctg cccctgtctg agtggccctt cctgtctaa gccccctgct 1020
 ctcttctgag ccccttcccc tgcctgagg acccttcccc atcctgagcc cccttccctg 1080
 tcctaaggct gacgcctgca cccggccctc cggccctccc ctgcccaggc agctgggtgg 1140
 25 gggcgtaat cctcctgagt gtcggaccc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaaa 1200
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

30 (I) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 252 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

cagtacagag cgggacaggg tgctgcccc acaggctga ccacagagca catcaaaaaga 60
 gcccccaactg ctcagtggag cgtggaggac gaggaggagg ccttccacga gcaatggcag 120
 60 catgagagag acaggcaggta caggccagga cggaggaggga ggcggggcatg tcccggcgg 180
 cgaacaggag tggctcagc tgaagctcga ggcctgactg atgagacgag gcttggatg 240
 tccagagcag ac 252

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 733 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

gctcgacgg aggttggagac cagcctgacc aacatgtatgt aaaacccat ctctactaaa 60
aataaaaaaa aattggctgg gtgtgggtt ggggtgcctgt agttccagct gctcaaggagg120
ctgaagcaca agaatacgctt gaacccagga ggtggagggtt ggagtggagcc aagatcaagc180
tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaaaagaa ataataataa240
taagacaaaa gagacaagggt ctccaggctg gtcaactctt ggcctcaaat gatcctccca300
cctcagcctc ccaagcagcc gggactacag gcaaaacatca ccatgtccag ctgtccccag360
ctttctaattc tggctttctt cttggccctt aacctaaga aaggcatgaag ccagccctg420
cagtggcgctc caccggcccc tctgggctt cctgtggctc tggcccttc ctctgtggcg480
gcaggacctt tggggctt cgtggcccttc tctggggccc aggccccggctt ggtccacatt540
cccaggcccc aacagcctt aagatgggt aaaggagctt gcccctccctg ggccccccac600
cttggtgact cggcccaacca ccccccagccc tggccctgccc acccctctta gtggggacta660
gtgaatgact tgacctgtga cctcaataca ataaatgtga tccccccaccc aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaaaa aaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

10

cttctccgt tttctttttt tctttttttt tttttttta aatttgcacca 60
 aaaaaaattt atgtacaat taccacacac tggatttgac tcagagagga ccccccagg 120
 gtgtctccat ctccctatt tatttcagc ccttggggc ttcattgttag atcaaagcca 180
 aggccccccag gaaggtgaca tactccctgga agttcacctc ctggtccttgc ttccggtcca 240
 15 agtctccat cagccttgca atttcagcat cctgcagctt cgagccaatg gtgagctcct 300
 tctggatcg ctcccttcagc tccttcttgc tcagggtgtg ctgtcaccc tccctgggg 360
 agtacttgcg gaagatggcc acgaggaggc caatggcctg atccaggggg catggcatgg 420
 ctgaggggctg ggcttggagc ggttagggagg cggccaaatg cgacgcgagc ggtcgagggg 480
 20 atgggtctgtc tcgcagttccg actggccctt taggggtcg tgccccggag gccagctcg 540
 ccaagccccac cccggggccca caagtcccgcc cccggggccca ccctgcggcc tggcttacac 600
 aacgcacatt cccgggtttac cccctcgact ttccacgcct cctgggggg gctgtccgg 660
 gttaggacgg gatgggggag cccagcgtg cccactgcac gcctggtgac gagtctcccc 720

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2124 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

55

caaacacgcg ggtcagctga tccggccaa ctggggcgac accccggctat aagcgcacgg 60
 cctcgccgac cctctccgac cgggggggg cggccatgca gcccctccagc ctttgcggc 120
 tcgccccttg cctgctggct gcacccggct cccgcgtcg caggatcccg ctgcacaatg 180
 tcacgtccat cccggggacc atgtcgagg ttggggctc tggggaggac ctgattgcca 240
 aaggccccctg ctcaaaggatc tcccaggcggt tgccagccgt gaccgagggg cccattcccg 300
 60 aggtgctcaa gaactacatg gacggccagt actacggggaa gattggcattt gggacggccc 360
 cccagtgcct cacagtcgtc ttgcacacgg gctctccaa cctgtgggtc ccctccatcc 420
 actgcaaact gctggacatc gcttgcgttgc tccaccacaa gtacaacatc gacaatggca 480
 gcacccatgtt gatggatgggtt acctcggttgc acatccacta tggctggggc agcctctccg 540
 ggtacccgtt ccaggacact gtgtcggtgc cctggccatgc agcgatgtca gcctctggcc 600
 65 tggggcggtgtt caaaggatggag aggcagggtct ttggggaggc caccatggcag ccaggatca 660
 ctttccatgcg agccaaatgttcc gatggcattcc tgggcatttgc ctaccccccgc atctccgtca 720

acaacgtgct gcccgtcttc gacaacctga tgccagcagaa gctgggtggac cagaacatct 780
 ttccttcta cctgagcagg gacccagatg cgccagctggg ygtgagctga tgctgggtgg 840
 cacagactcc aagtattaca agggttctct gtcctacactg aatgtcaccc gcaaggccta 900
 ctggcagggtc caccctggacc aggtggaggt ggccagcggg ctgaccctgt gcaaggaggg 960
 ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatggtg ggcccggtgg atgagggtgcg1020
 cgagctgcag aaggccatcg gggccgtgcc gctgattcag ggcgagtaa tgatcccctg1080
 tgagaagggtg tccaccctgc cccgcatcac actgaagctg ggaggcataag gctacaagct1140
 gtccccagag gactacacgc tcaagggtgc gcaggccggg aagaccctct gcctgagcgg1200
 cttcatgggc atggacatcc cgccacccag cgccggactc tggatcctgg ggcacgtctt1260
 catcgccgc tactacactg tggttgcacg tgacaacaac agggtgggct tcgcccggg1320
 tgccccctc tagttcccaa ggcgtcccg cgccagcaca gaaacagagg agagtcccag1380
 agcaggaggg ccctggccca gggccctc ccacacacac ccacacactc gcccggccac1440
 tgcctggc gcctggaaag cggccggcc aagccgact tgctgtttt ttctgtgtt1500
 ttccccctcc tgggttcaga aatgtgcct gcctgtctgt ctctccatct gtttgggtgg1560
 ggttagagctg atccagagca cagatctgtt tcgtgcattt gaagacccca cccaaagtgg1620
 gcagccgagc tgcgtatcc tggggctccc ttcatctcca gggagttccc tccccggccc1680
 taccacgccc cgcgtggctg agcccttacc ccacaccagg cgcgtccccc gggccctccc1740
 ttggaaacct gcctgcctg agggccctc tgcccaactt gggcccaactt gggctctggc1800
 accctacctg ttcaagtgtcc cggggccctt gaggatgagg cgcctagagg cctgaggatg1860
 agtggaaagg agtggagaggc gacaaaaacc acctgttgg agcctgcagg gtgggtgtgg1920
 gactgagcca gtcccgggg catgtatgg cctggaggtg ggttggat tgggggtgg1980
 tgcccaactt cctctgcagc tgacctctgt tgcctccccc ttggggcggt gagaacccca2040
 gctgacatgg aaatacagtt gttggctcc ggcctccct caaaaaaaaaa aggagaaaaag2100
 aaaaaggcgcc cgccgacta gtga 2124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 928 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

cggacgggtgg gcgcctgctg gcctccctt acagtgcctt ttcggggcgc tccgctggct 60
 tcttgacaa ttgcgcctat tgcgtgcgc ggctagcggc ggccggggcc cagtcgggtgt120
 atgccttctc ggcgcgcccc ctggccggc gggagcctgt gaggctgggc tccctgcggg180
 gcaaggtaactt atctatcgag aatgtggctt ccctctgagg caccacggtc cgggactaca240
 cccagatgaa ctagctgcag cggcgccctg gacccgggg cttgggtggtg ctggcttcc300
 cgtcaacca gttggggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
 agtacgtccg gcctgggtggt ggggtcgagc ccaacttcat gctcttcag aagtgcgagg420
 tgaacgggtgc gggggcgac cctctctcg ctttctgcg ggaggccctg ccagctccca480
 gcgacgacgc caccgcgttt atgaccgacc ccaagctcat caccctggctt ccgggtgtgc540

60

65

5 gcaacatgt tgccatggaa tttgagaatg tcctggggg ccctgacgat gtccccctac600
gcaggatcac cccggcgatcc cagaccattg acatcgagcc tggatcgat gcccgtgt660
ctcaaggccc cagctgtgcc tagggcgccc ctccatcccc ggctgcttgg cagttcagt720
gctgtgtct cgggggggtt ttcatctatg aggggtttc ctctaaaccc acgaggagg780
aacacctgat cttagaaaa ataccaccc gagatgggtg ctggcctgt tggatcccagt840
ctctgccaga ccaaggcgag ttccccact aataagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaaa900
aaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa 928

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

45 gcggcgttag aagccatgag cagaaatgc tctcgacaca ccctgtacga ggcgggtcgg 60
gaagtcctgc acggaaacca gcgcaaggcg cgcaagttcc tggagacgg tggagttgc120
gatcagctt aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggct180
ttaagtccca cttcccgcc ccctaaatgt tctctgtgtg gtggcctgg gggggaccca240
gcgagccaaac tggacggaa gggctaaagg cccgttggaa ataatcccc ccaacat 297

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1837 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

agcaggaggt tttcaaccta gtcacagagc agcacctacc ccctcctcct ttccacacct 60
 gcaaacttctt ttacttggc tgaatattta tgtaattac atctcagctt tgagggtctcc 120
 tggccaaat tcccgattta aaaggttccc tggtgtgaa aatacatgaa ataaatcatg 180
 aaggccacta tcatcctcct tctgcttca caagttcct gggctggacc gtttcaacag 240
 agaggcttat ttgactttat gctagaagat gaggcttctg gtataggccc agaagttcct 300
 gatgaccgcg acttcgagcc ctcccttaggc ccagtgtgcc ccttccgcgtc tcaatccat 360
 cttcgagtgg tccagtggtc tgatttggtt ctggacaaag tgccaaagga tcttccccct 420
 gacacaactc tgcctagacct gcaaaaacac aaaataaccg aaatcaaaga tggagacttt 480
 aagaacctga agaaccttca cgcattgatt cttgtcaaca ataaaattag caaagtttagt 540
 cctggagcat ttacaccctt ggtgaaggta gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
 aaggaattgc cagaaaaaat gcccääact cttcaggagc tgcgtccccaa tgagaatgag 660
 atcaccaaag tgcggaaagt tactttcaat ggactgaacc agatgattgt catagaactg 720
 ggcaccaactc cgctgaagag ctcaggaatt gaaaatgggg ctttccaggg aatgaagaag 780
 ctctcttaca tcgcatttgc tgataccat atcaccagca ttccctcaagg ttcccttctt 840
 tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agcttagctg 900
 aaaggactga ataatttggc taagttgggaa tttagttca acagcatctc tgctgttgc 960
 aatggcttc tggccaaacac gcctcatctg agggagcttc acttggacaa caacaagctt1020
 accagagtagc ctgggtggct ggcagagcat aagtagacatcc aggttgtcta ctttcataac1080
 aacaatatct ctgtagttgg atcaagtgc ttctgcccac ctggacacaa caccaaaaag1140
 gcttcttatt cgggtgtgag tctttcagc aaccgggtcc agtactgggaa gatacagcc1200
 tccacccatca gatgtgtcta cgtgcgtctt gccattcaac tcggaaacta taagtaattc1260
 tcaagaaagc cttcatttttataaccttgc aaaatcttgc taatgtcatt gctaaaaat1320
 aaataaaagc tagatactgg aaacctaact gcaatgtggta tgtttaccc acatgactt1380
 ttatgcataa agccaaattt ccagtttaag taattgccta caataaaaaag aaattttgc1440
 tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgc ttaactgagc tactagagat1500
 attcttattt cactaaatgt aaaatttggta gtaaatatat atgtcaatat tttagtaagc1560
 ttttctttttaatttccag gaaaaataaa aagagttatg agtcttctgt aattcatttgc1620
 gcagtttagct cattttagat aaagtcaat gccaaacact agctctgtat taatccccat1680
 cattactgtt aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttt1740
 ctaatgtcat tattttggaaa aaataaaattt aaaatatacat tcaaaaattaa aaaaaaaaaa1800
 aagaggagaa gaaaaaggggg aaaaaaaaaagg gggttag 1837

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1346 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

10 cggtccgggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg caggcggact tgagggaaacc 60
 gcagataagt tttttctct ttgaaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
 tcaataggtt actaagatat tgcttagcgt taagttttta acgttaatttt aatagcttaa 180
 gattttaaga gaaaatatga agacttagaa gagtagatcg aggaaggaaa agataaaagg 240
 tttctaaaac atgacggagg ttgagatcaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtattaa 300
 aagaaaaattt agagaaagga ctacagagcc cggaaattaaat accaatagaaa gggcaatgct 360
 15 ttttagattaa aatgaagggtg acttaaacacg cttaaagttt agttttaaaag ttgttaggtga 420
 ttaaaaataat ttgaaggcga tctttttaaa agagattaa cggaaagtgtat taaaagacct 480
 tgaaatccat gacgcaggga gaattgcgtc attttaaagcc tagttaacgc atttactaaa 540
 cgcagacgaa aatggaaaga ttaattggga gtggtaggat gaaacaattt ggagaagata 600
 gaagtttcaa gtggaaaact ggaagacaga agtacggaa ggcgaagaaa agaataagaga 660
 20 agataggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
 gaaaagttagg aagcagaaga aaaaagacaa gcttaggaaac aaaaagctaa gggcaaaatg 780
 tacaactta gaagaaaattt ggaagataga aacaagatag aaaaatgaaaa tattgtcaag 840
 agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
 aaaaatataa agccaaaaat tggataaaaat agcactgaaa aatgaggaa attattggta 960
 25 accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctgggt gtgcagaagt tagaaggtaa 1020
 agcttgagaa gatgagggtg ttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc 1080
 tagaaggggaa agttggtaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgtat 1140
 aaaaaaaaaact aaggcagaag gcttttggga gagtttagaaa agaataagaga agataggaa 1200
 attagaagat aaaaacatac ttttagaaga gaaaagataa atttaaacct gaaaagttagg 1260
 30 ccctgcagtc ctactacagt ctgggggtgg gtcctaagag gaggggtccc acctcagccc 1320
 ctgtcagggt ccactggggg gggggg 1346

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

65 ggagccgcag ggcccgtagg acgcccattgg ggcgcaggcc cgaaatggca tggtcttcaa 60

gccccacttt ccacaaggac tggcagcggc gcgtggccac gtggttcaac cagccggccc120
 gtaagatccg cagacgtaaq gccccggcaag ccaaggcgcg cgggatcgcc cgcggcccg180
 gtggggtccc atgcgggcca tggtgcgtg ccccaagggtt tggtaccaca cgaagggtggc240
 gccggcccgcg g 251

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren 10
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
 RSPASPRSAH LHHLGGLEHF HLALADLLDV EGEGLWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLOQVPRLL QVFLGLEEARL LQVLAGTHLG LLHLLLGEGL180
 LEVVAHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren 40
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQS VSS AGPAARGLQ 60
 EGLIQQEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
 AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGH RDGG GGRSGGRPAT180
 CGAGAAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

65

5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

25 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMIYQDEV KLPAKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGE180
RPEEDEAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRGGTPE RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

55 GEGRVWNPEG SKSRHWPDHP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

55 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

DVLDLSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENSC60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

LGSRREQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

65

5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

READPVARTA SAGSKTRRN P NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PGPGPSSSPG LSAHDGTQVR 60
VHAGFCCLGLH PSGAPRPQGQ SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120
PRLFSGGSPT GMGGSDSGGS QGHLEP 146

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

30 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:

QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQGPQRVSCN NAGPERTQPG TFPSLAGARS SSHRRGFSPD 60
50 GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120
SMQGSAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLHHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

55 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:

KMRKRLRREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQ 60
LELKVTASPD KVTKT 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

VQNIRYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLVKDEE TEAQRGEVPG PRPHSQNLPL 60
DSDQESQEAR LPERGTALPT ARWPPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

40

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

60

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQVLHLSE PQFPHLLPAS 60
RGRSPPSPRP RCSQGQSDGG WSGALGDTGC FGR 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

65

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

5 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

25 RPRPWFSAAQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRGCAGN WVSLPSGEKP RLWDEDRAPA 60
REGKPGCVL SGPAALLQDTR WGPGCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPPSPSSH120
HPFRSARAFP EASCDSGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180
LNSG 184

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

30 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

50 LGSRREQKGP GRMATAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
SACHALTTLF FQPPPPFPRS GLPRSVL 147

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

55 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

VKVT1LGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
 QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSGWPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
 SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLR GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

IVIIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKNSGFVL LFQMRYHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

LMRATWVKKL PVNSHHFCPS LGNTFRGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLLSSAY60
 CYTIRLFLLS LIVCNA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

5 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

20 QYADDNLGPS LCDISSLGRVR QNQNSFLSRI FGNWPLKVFP NEGQK

45

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25 (A) LÄNGE: 465 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

45 EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRRP GNGRGVAASL SSGREVQRVP 60
 HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGQRYGPL SEP GSARAYS120
 NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRAYYE DRPPGSVVPT180
 SAAEASRAMA GDTSLSENYA FAGMYHVFQ HVDEAVPRVR FANDDRHRRLA CCS LDGSISL240
 CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLDA TMRIWASED RCIREIPDPD300
 50 SAELLCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNVHVMN ISTGKKVKGG SKLTGRVLA LSFDAPGRLL360
 WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLLINA CLN420
 KLLLYRVVDN EGTLQLKRSF PIEQSSH PVR RSSVPSCPSA RGPAW 465

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

55 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCTTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60
SPAQSSRPG A SKDRARTRPV S LLEPPFTFL P VEMFMCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120
SSALSGSGIS R MQRPSSEAQ MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180
TSWHREMLPS S EQQARRCRS SLAKRTLGTA SSTCWSKT 218

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

15

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

35

PRRGQWIPTA QPVPSMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60
RHHHLTAGDP PSPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCCSRGA ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120
VWPHVHSQIF 129

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

45

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

~~APRQLTQHPR BPPGGAWAAP OSHSSTIYIC KALSAVLRGG WVGREGI GQA LSSLSI WGO 60~~

EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCEFNQG GASGFPQHNR SLPCPGMPHH TQVSSFALRS120

65

LQGLPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT

152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

5 (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

FFLFYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFFLFFFV VLRKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60
 TQLLCCKSGV LVGAISWQWQ VSLEQRGERG WVGPQPSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120
 LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180
 SPQPGRGNLL ANPQRERGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA 220

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMVV GTGTSLALSS LLSLLLFAFM QMYSRQLAST 60
 EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFQAKIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120
 VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

60 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

WWWVRAPRWR SFPSCPCCSL LGCRCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIWI 60
 LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WLSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120
 QSSHQPRSQA RARRETDPEC SIKLILCKKK KKKK 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

FFFFFFLQRI NFIEHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60
 DTDSVDEARC KESQQEAQEN LREDLCLESF AKDKILQIIE GSEREHEETR TKQAALDGEPI20
 LGGGQLTAVH LHPSKQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180
 ASAL 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

SNQRTIRKGS LSLLDTGPQR GKSDLPKVVS KLLAWQEPEF LTERNISPLH CASSSACPLT60
CDVTLKRPWQ LLAIELPFQN PSTAQCGDRG 90

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

10 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

16 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

PLSPHWAVEG FWKGSSMARS CQGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSCHASSL60
LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

35 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

41 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

LLSYLCKMKT GHYPSLKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60
GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

60 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

10

ROYSYSCMGG MILAICDVAEY RKCAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE 60
QLANLDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

NNNDWNKTAII LTFEVLFKVV IPLAIFCFPP LTLFNFNSILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC 60
CQKAKEMLPV FSVLVLLTYS I 81

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

SKSAQENNLL IWTRIYFTPS YNFVLIIDLP ALLDTSAEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60
SVDRKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQQPYLP LRFYLKFGYH 100

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

5 (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

25 ERFLTTCDGH RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60
 PCRNNGSCVQ PGRCRCPAGW RGDTQSDVD ECSARRGGCP QRCVNNTAGSY WCQCWEGHSL120
 SADGTLCPV рк GGGPRVAPNP TGVDSAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180
 EHGLPDPGSL LVHSFQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

30 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 35 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

55 GPTWPWD AVG VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPEEG EEEEEEGPAW PSAQSPRGF 60
 WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAAELLEGV120
 HQEAAGVREP MLQCLRGQAV QWGQHQLQLL LQQVHPLQP LHFFLHCTVH SCRVGHPGG180
 PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

60 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

VQLAFVGQKS RLGSAGAGHDG GGYGHLAGAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARRPGR 60
AWFG 64

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

FSSRLLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSLALS SLLSLLFAG MRVCGRPLAS AGWLAVRGGL 60
LGSG 64

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

TRTKQAPADG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ QEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ 60
TRA 64

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

5 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQRSR HCAAPALPQC ALS 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

30 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

LAQSALGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

55 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHNV YSSGHHMHTG TEL

43

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKTM QALEKAYIKD 60
 CVSPSEYTAACRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRKF RLDCPLAMER IKEDRPFITIK120
 DDKGNLNRCI ADVVSLFITV MDKLRLEIPR HG 152

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 170 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

RQCKPWRPRT SRTVSPPAST LQPAPGSWSN TKLPSGRSRA QKSALLTNSA ASSAWTARWP 60
 WSGSRRTGPS PSRTTRATST AASQTVSRSS SRSWTSCAWR FRAMDEIQPD LRELMETMHR120
 MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA 170

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

65

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

20 ALSFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMPLR VCSHWLTVWR PSKSGGRWLM RCMVSISSRR 60
SGWISSMARN LQAQLVHDRD EERDHVCDAA VEVALVVLGD DGPVLLDPLH GQRAVQAELA120
AEFVNRADE 129

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

| | | | | | | | |
|----|-------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| 50 | RAGGGGGQYC | ERGEAAAQGE | PQHELAGHAA | LHAAPARDHP | QAGQRVGALP | AGEQDPEPD | 60 |
| | RHAAAGQQVQ | GPGAQVPAPG | HTGPQPIRDH | RAVEEHQCRV | PSARPVPQPP | PAAPPRVYQP | 120 |
| | PTYNRIIINQI | STNEIQSDQN | LKVLPPLPT | MPTLTSLPSS | TDKPSGPWRD | CLQALEDGHD | 180 |
| | TSSIYLVKPE | NTNRLMQVWC | DQRHDPGGWT | VIQRLLDGSV | NFFRNWETYK | QFGNIDGEY | 240 |
| | WLGLENIYWL | TNQGNYKLLV | TMEDWSGRKV | FAEYASFRLE | PESEYYKLRL | GRYHGNAGDS | 300 |
| | FTWNGKQFT | TLDRDHDVYT | GNCAHYQKGG | WWYNACAHSN | LNGVWYRGHH | YRSRYQDGVY | 360 |
| | WAEFRGGSYS | LKKVMMIRP | NPNTFH | | | | 386 |

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVVEV GVGTVIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
 ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
 PVNVLQAQPV FAVNVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
 RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
 LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG WLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300
 YLLASCSMSA VWFRILFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

SKTGEERSE REGKPEIEGK PESEGEPEGSE TRAAGKRPAE DDVPRKAKRK TNKGLAHYLK 60
 EYKEAIHDMN FSNEDMIREF DNMAKVQDEK RKSQKQLGAF LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120
 GGCRAPRRDI EDIPYV 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

ISLHPQKRPQ FLFAFSLLIL HLSHIVKFSY HVLLAEIHM YGLFILLEVM SQPLISFSFG60
 FPGYIILSWA LSCSPCFTPW LSFTLWLSLY LWFSLSL 97

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

10

- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

30

QDGGRQRWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60
 VDQFLEDVRL QERTSGLLS EAPNEKLFFV DTGSKKEGLT KKRTKVQKKS LLLKKPLRVD120
 LILENTSKVP APKDVLAHQV PNAKKLRKE QLWEKLAKQG ELPREVRRRAQ ARLLNFSATR180
 AKPGPQDTVE RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240
 VAPAGASYNF SEDHQTLLS AAHEVELQRO KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300
 GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHHREEDGA AAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360
 35 RPAPAPGAVP AARDQGPGB EAGGTGAAA AAAGAAGG 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

40

- (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

60

WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSLSL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60
 AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VSLSLPPRLP PPPPRQSRQ PQGHLGLDPA QPEQLLVPEP120
 GGPQRGLLLYP QPVHSLLPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180
 SPSHSSWNVD SWAACSVAG RATAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCRKLRQA240
 PPPRRAPGTA WCAGVLAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRR AALRCPGARA300
 WPLLQKG 307

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren 5
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 10

- (iii) HYPOTHETISCH: ja 15

- (vi) HERKUNFT: 20
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQGKATQ 60
VVWAFGDTDV WTRTRPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren 30
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear 35

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja 40

- (vi) HERKUNFT: 45
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFRPKG AGSTTVKIVL KEKKKKACVH 60
GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQRVTC PTEYPCRHPE KVAGKCKIC120
PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTCAV LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren 55
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear 60

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja 65

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

10 PVPPSTPAVT PRKWLGSAAFAQRTKQTLA TVRSVLPGVPRHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60
SLCPGTRGLG LGGDPPPLEAG KRNLPLOSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120
PDGAEGHGQ SRQSDQDITK T 141

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

15 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
20 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

35 YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVFCFCGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSD FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

40 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
45 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116:

60 STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQQLSSL YGSRKNSTKM60
TGHPMMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRTP NSPRMTRRHs HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
 SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

25 Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID. No. 1-20.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID. No. 1-20, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID. No. 1-62, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirts-

DE 198 17 946 A 1

zellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 1-62 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

5 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. ORF 63-117.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

10 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 63-117, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

15 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 1-20 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63-117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterustumor.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63-117, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

20 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID. No. 63-117.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den CDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

30 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

35

40

45

50

55

60

65

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

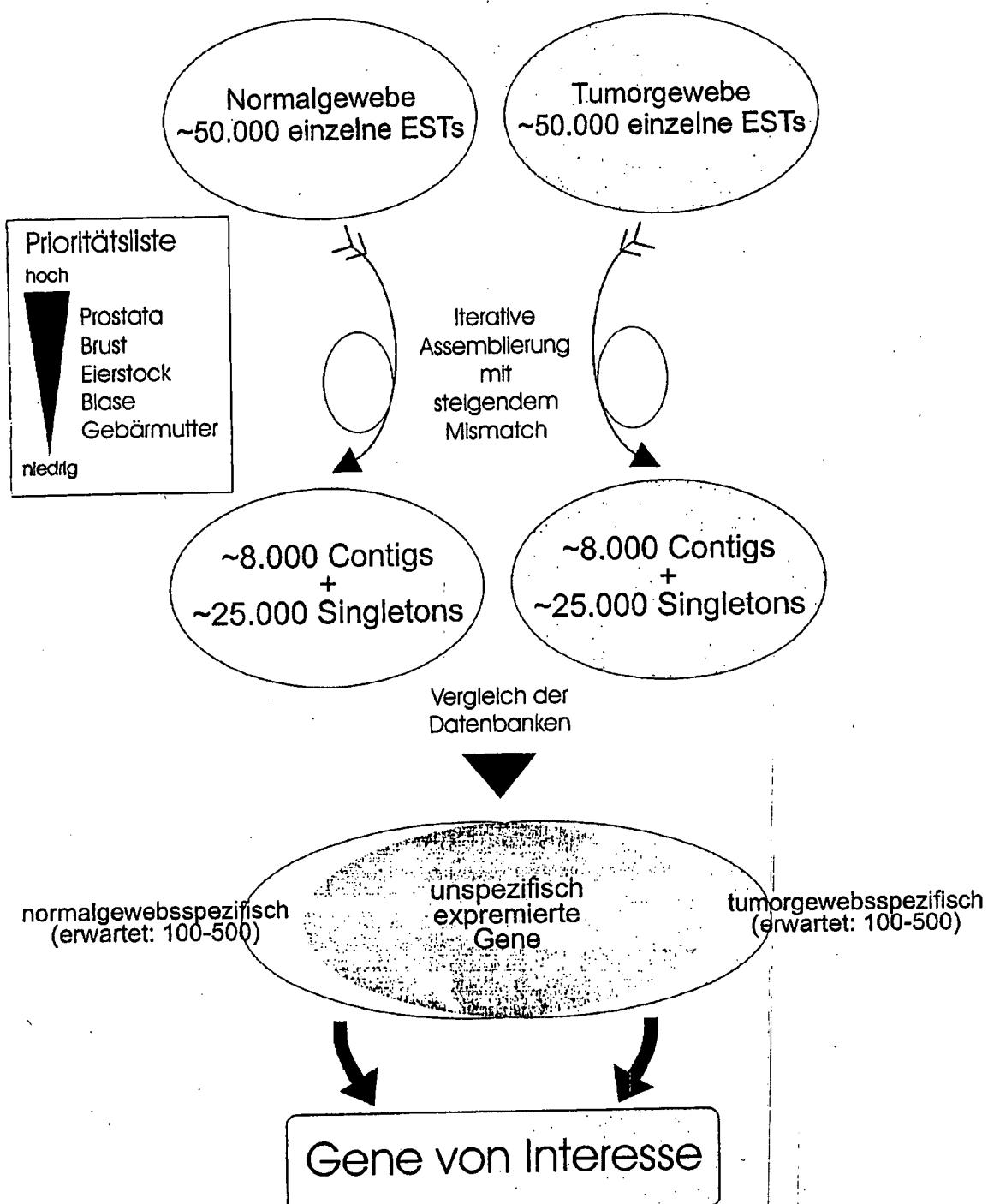


Fig. 1

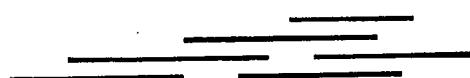
Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)

Contigs



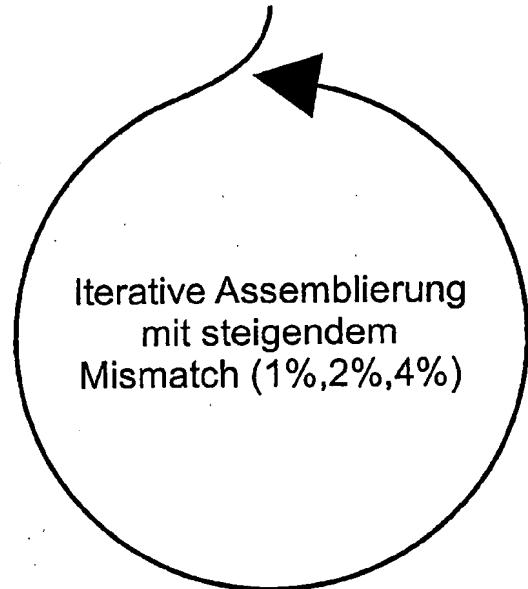
Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

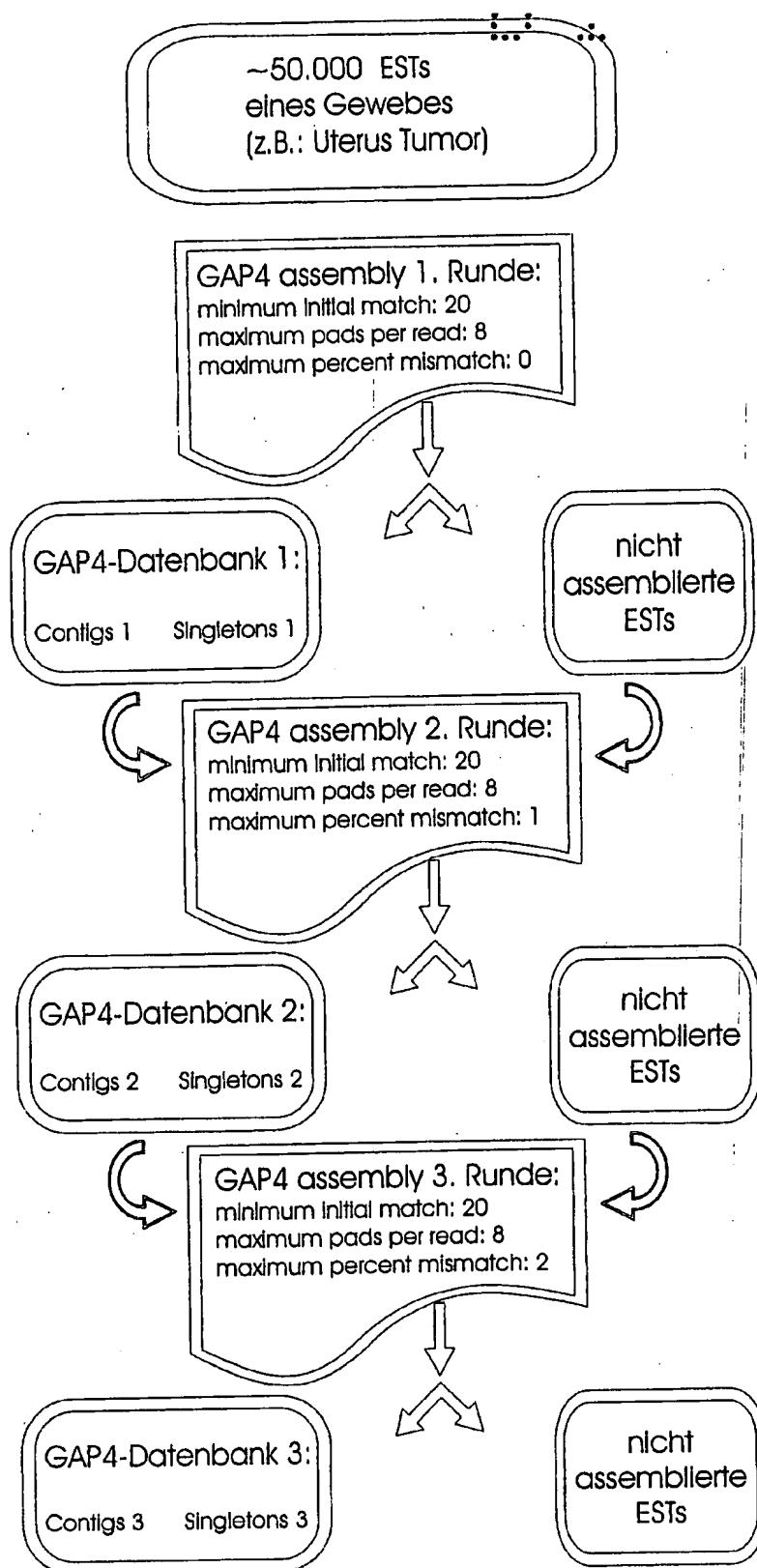


Fig. 2b1

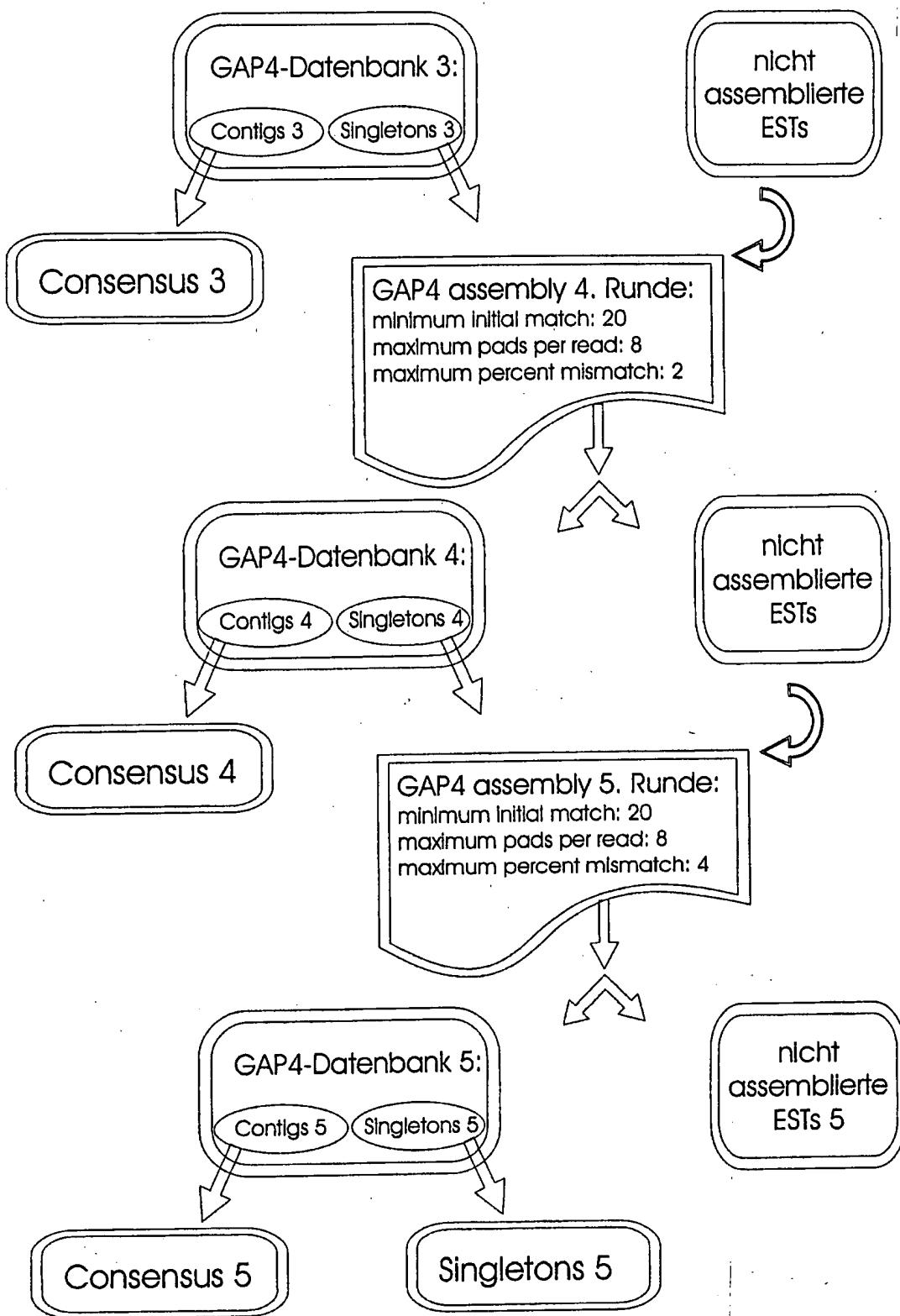


Fig. 2b2

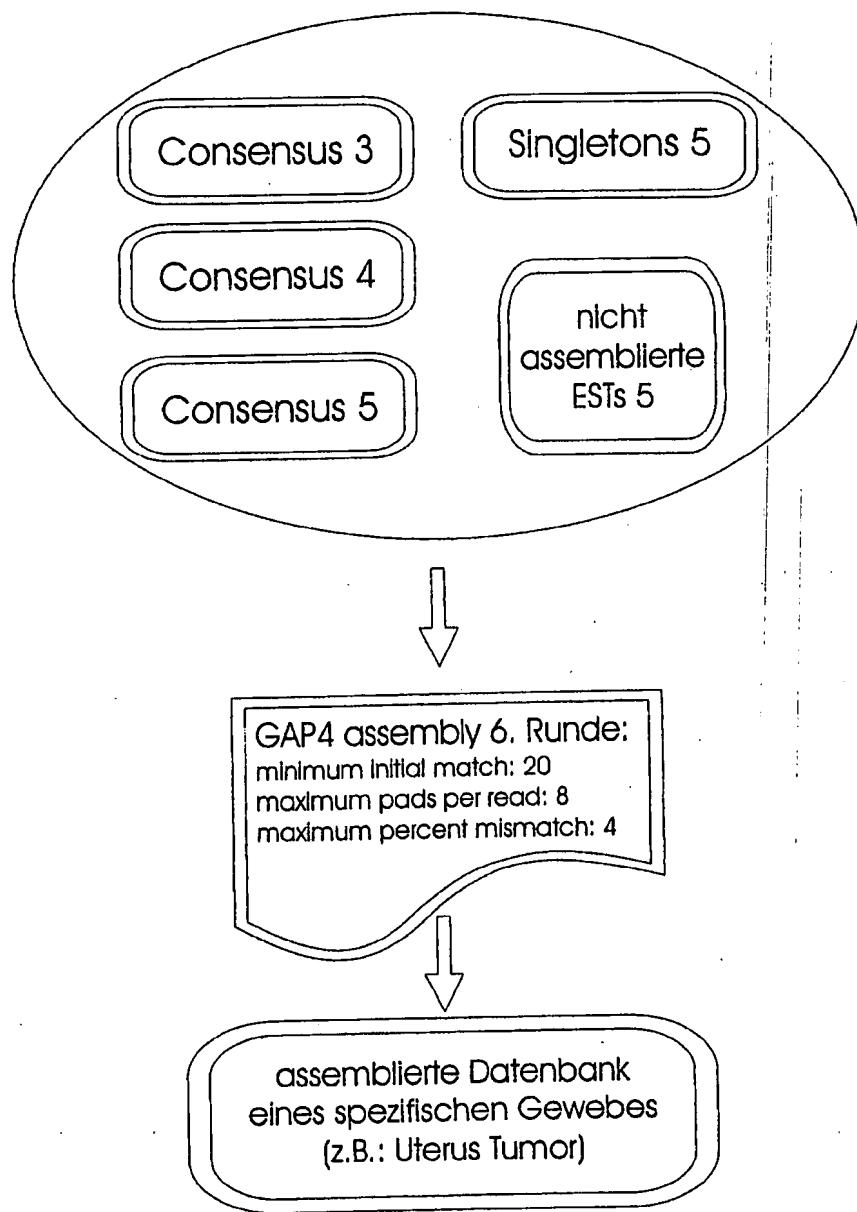


Fig. 2b3

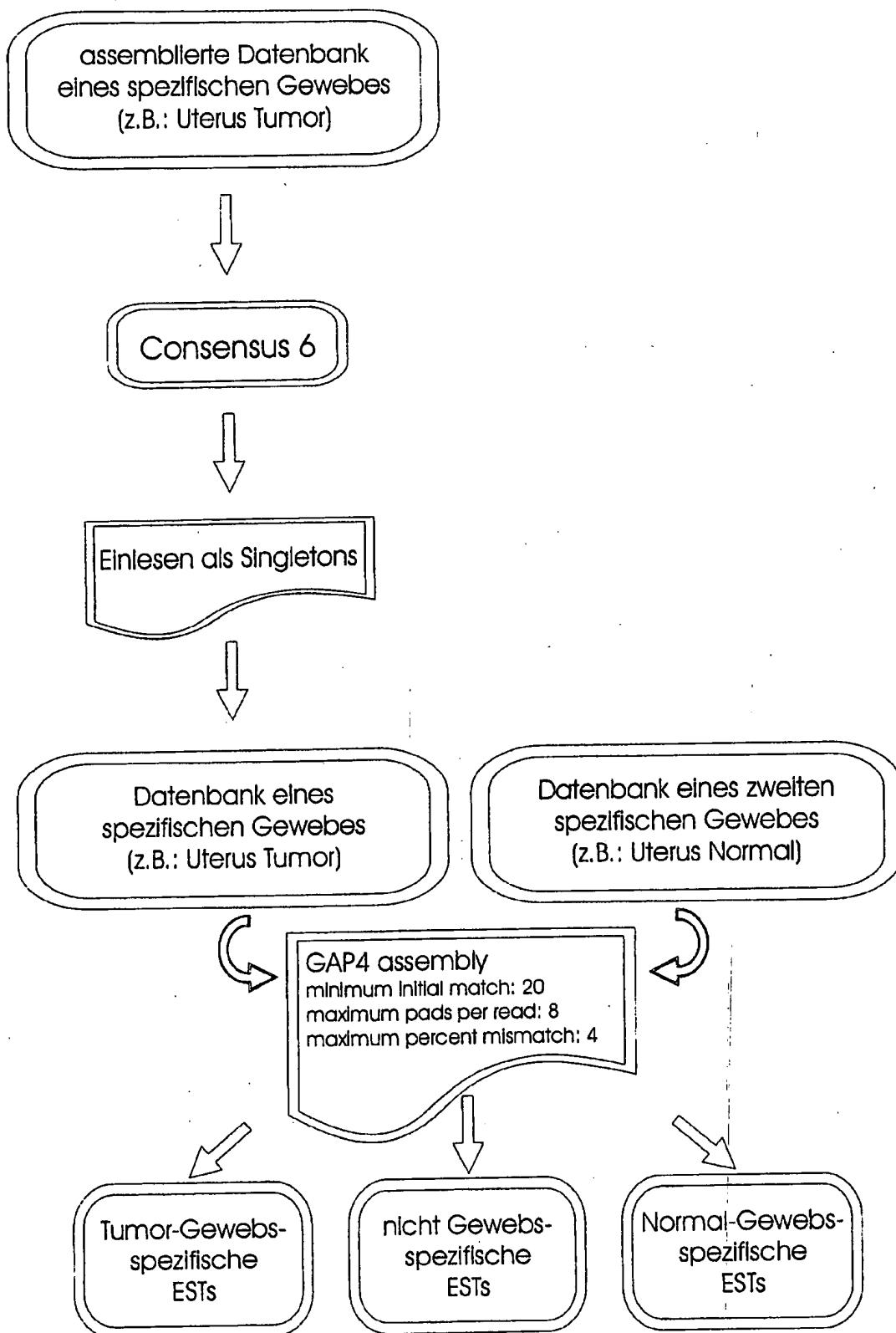


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

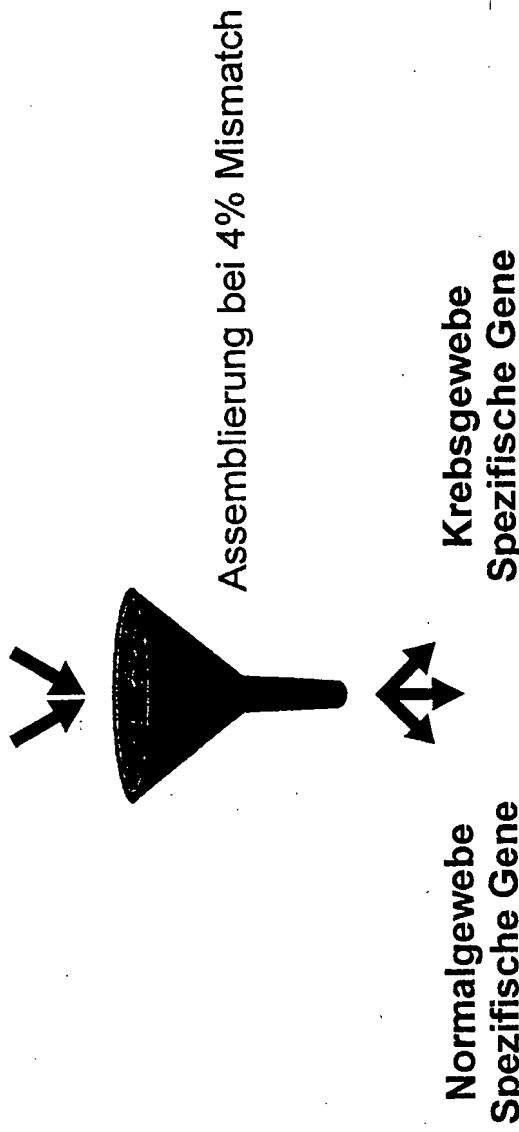


Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

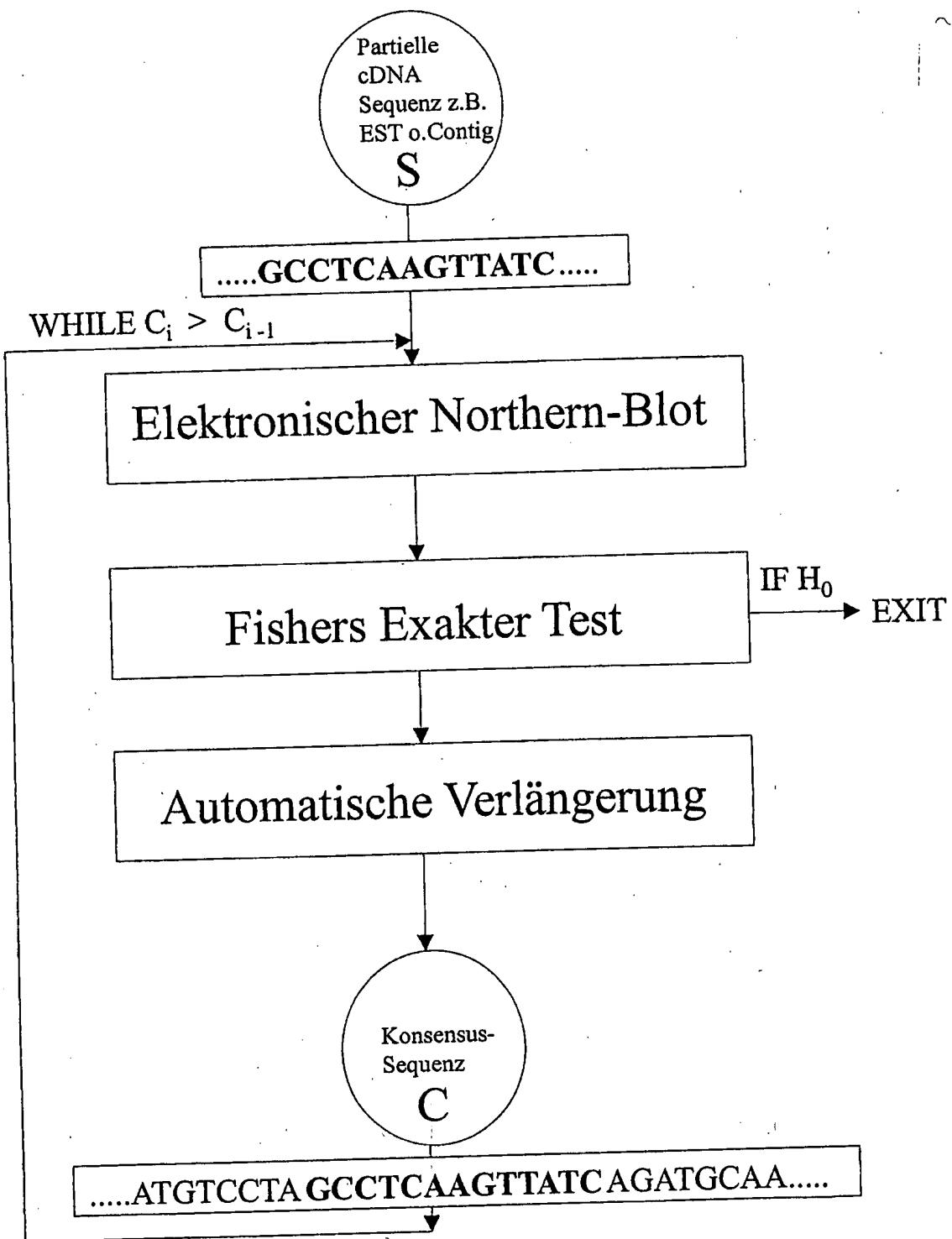


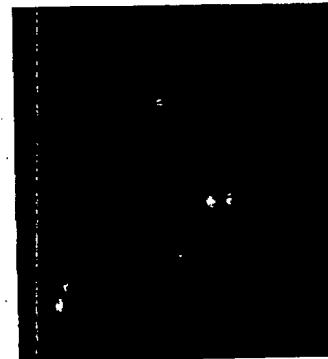
Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:**

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.